

Europäisches Patentamt
European Patent Office
Office européen des brevets



(11) EP 0 805 204 A2

(12) **EUROPÄISCHE PATENTANMELDUNG**

(43) Veröffentlichungstag:
05.11.1997 Patentblatt 1997/45

(21) Anmeldenummer: 97250143.1

(22) Anmeldetag: 28.04.1997

(51) Int Cl.⁶: C12N 15/12, C07K 14/705,
C07K 16/28, A61K 38/17,
A61K 39/395, C12Q 1/68,
A61K 31/70, G01N 33/50

(84) Benannte Vertragsstaaten:
AT BE CH DE DK ES FR GB GR IT LI LU NL SE

(30) Priorität: 29.04.1996 DE 19617940

(71) Anmelder: Institut für Hormon- und
Fortpflanzungsforschung GmbH
22529 Hamburg (DE)

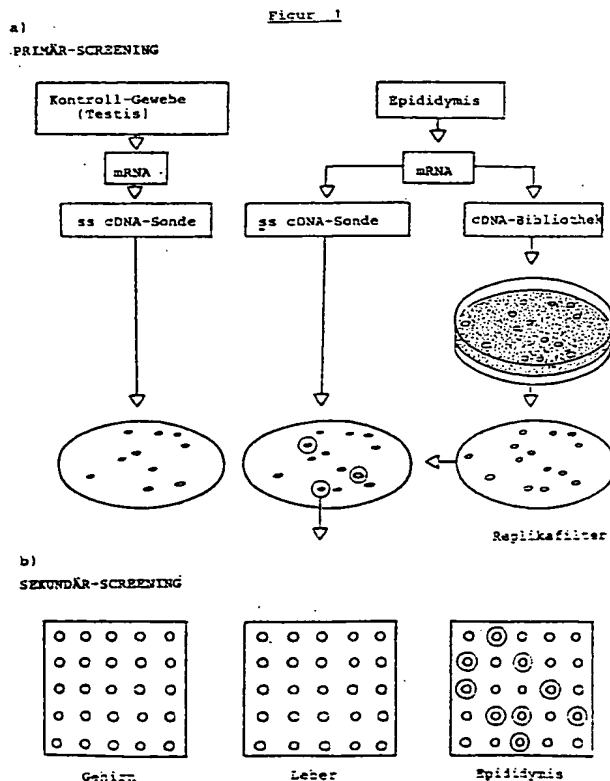
(72) Erfinder:
• Osterhoff, Caroline, Dr.
20255 Hamburg (DE)
• Ivell, Richard, Dr.
20257 Hamburg (DE)

(74) Vertreter: UEXKÜLL & STOLBERG
Patentanwälte
Beselerstrasse 4
22607 Hamburg (DE)

(54) **Nebenhoden-spezifisches Rezeptorprotein und dessen Verwendung**

(57) Es wird ein neues Nebenhoden-spezifisches Rezeptorprotein von Säugern sowie eine hierfür kodierende Nukleotidsequenz beschrieben. Das erfindungsgemäße Rezeptorprotein steht als Transmembranprotein des Nebenhodenepithels in engem Zusammen-

hang mit der Spermienreife. Es ist demgemäß zur Diagnose und Behandlung männlicher Infertilität sowie als Mittel zur Schaffung von Kontrazeptiva geeignet. Die Erfindung betrifft ferner Antikörper gegen das erfindungsgemäße Polypeptid sowie deren Verwendung bei der Diagnose männlicher Fertilität.



EP 0 805 204 A2

Beschreibung

Die Erfindung betrifft ein neues, für den Nebenhoden von Säugern spezifisches transmembranes Rezeptorprotein, für das Protein kodierende DNA-Sequenzen und spezifische Liganden, sowie deren Verwendung zur Herstellung von Mitteln zur Diagnose männlicher Infertilität und zur Steuerung der Spermienreifung.

Derzeit sind etwa 15% aller Paare in der Bundesrepublik Deutschland ungewollt kinderlos und ihr Anteil nimmt ständig zu. Die Ursachen für die Unfruchtbarkeit liegen zu gleichen Teilen bei Mann und Frau. Während jedoch die Ursachen bei der Frau weitgehend erforscht und diagnostizierbar sind, können beim Mann nur in ca. 30% der Fälle organische Ursachen festgestellt werden. Etwa ein Drittel der verbleibenden 70% lassen sich auf Oligospermie unbekannten Ursprungs zurückführen, während die Ursachen bei den restlichen Fällen nach dem bisherigen Wissensstand noch unklar sind. Insbesondere bei der idiopathischen Infertilität, bei der trotz einer ausreichenden Anzahl von Spermien im Ejakulat keine Befruchtung der weiblichen Eizelle erfolgt (H.W.G. Baker et al. (1986) Relative incidence of etiological disorders in male infertility. In: *Male Reproductive Dysfunction* (Hrsg. R.J. Santen und R.S. Swerdloff), S. 341 - 372. Marcel Dekker Inc., New York), wird eine Störung der im Nebenhoden (Epididymis) stattfindenden Spermienreifung vermutet.

Bei der Reifung der Spermien nimmt der Nebenhoden eine Schlüsselrolle ein. Er besteht beim Menschen aus einem einzigen etwa 5 m langen Kanal, der mäanderartig aufgewunden ist. Die im Hoden gebildeten, noch unreifen Spermien werden zum Nebenhoden transportiert und während einer 2 bis 3 Tage dauernden Passage einem Reifungsprozeß unterzogen. Das besondere Milieu des Nebenhodens sorgt dafür, daß die dort eingelagerten Spermien lange vital bleiben und überdies die besonderen physikalischen, immunologischen sowie biochemischen Eigenschaften befruchtungsfähiger Spermien erlangen.

Es ist demgemäß davon auszugehen, daß männliche Unfruchtbarkeit und insbesondere die idiopathische Infertilität in zahlreichen Fällen auf Störungen der im Nebenhoden ablaufenden Reifungsprozesse beruhen.

Obwohl die anatomische Feinstruktur des humanen Nebenhodens makroskopisch, mikroskopisch und elektronenmikroskopisch sehr gut beschrieben ist (vgl. A.F. Holstein: Morphologische Studien am Nebenhoden des Menschen, Zwanglose Abhandlungen aus dem Gebiet der normalen und pathologischen Anatomie, 20, 1-91 (1969)), sind dessen Proteinprodukte mit wenigen Ausnahmen (vgl. beispielsweise Tezon et al., Immunochemical localization of secretory antigens in the human epididymis and their association with spermatozoa, *Biology of Reproduction*, 32, 591-597 (1985)) nur wenig erforscht. Fast alle Kenntnisse über dieses Organ stammen aus Arbeiten an Ratten, Mäusen, Hamstern, Ebern, Bullen oder gelegentlich Affen, wobei die Tier-spezifischen Unterschiede bekanntermaßen groß sind.

Die an verschiedenen Tierarten gewonnenen Erkenntnisse zur Spermienreifung beim Durchtritt durch den Nebenhoden lassen sich wie folgt zusammenfassen (vgl. T.G. Cooper: *The Epididymis, Sperm Maturation and Fertilisation*, Springer Verlag, Berlin, (1986)):

- (a) Entwicklung einer gerichteten Vorwärtsbewegung und Befähigung zur Hyperaktivierung der Spermien.
- (b) Verhinderung einer vorzeitigen Kapazitation, d.h. der Bereitschaft, die Akrosomenreaktion durchzuführen, wobei Dekapazitationsfaktoren, bei denen es sich vermutlich um epididymale Polypeptide handelt, eine regelnde Rolle spielen.
- (c) Veränderung der Oberflächenantigene der Spermien, um die Bindung zwischen Spermien und Eizelle zu begünstigen.
- (d) Veränderung der Spermienmembran, um die Fusion mit dem Ei zu ermöglichen.

Das diese Prozesse auslösende Stoffwechselgeschehen im Nebenhoden ist selbst bei den untersuchten Tieren weitgehend ungeklärt. Es konnte jedoch anhand von Gelelektrophoresen gezeigt werden, daß im Nebenhoden einige Polypeptide zu der aus der Rete testis stammenden Seminalflüssigkeit hinzukommen. Unter diesen sind bei der Ratte die Polypeptide (a) bis (e) von Cooper (a.a.O., Tab. 20) vorhanden, in denen das sogenannte "acidic epididymal glycoprotein (AEG)" (Lea et al., (1978)) bzw. die Polypeptide B bis E von Brooks und Mitarbeitern (D.E. Brooks und J. Higgins, Characterization and androgen-dependence of proteins associated with luminal fluid and spermatozoa in the rat epididymis, *Journal of Reproduction and Fertility*, 59, 363-375, (1980)) enthalten sind. Die Ergebnisse dieser Modelle weisen darauf hin, daß die Bildung dieser Polypeptide unter Androgeneinwirkung steht.

Die aus Tierversuchen gewonnenen Erkenntnisse lassen sich jedoch aufgrund der hohen Gewebe- und Spezies-Spezifität nicht auf den Menschen übertragen. Beispielsweise wurden die bei der Ratte wesentlichen epididymalen Polypeptide oder die sie kodierenden mRNA's in keinem anderen Gewebe und, abgesehen von der Maus, in keiner anderen Spezies gefunden (D.E. Brooks et al., *Europ. J. Biochem.*, 161, 13-18 (1986); *J. Biolog. Chem.*, 261,

4956-4961, (1986)).

Aus der EP-A-0 440 321 sind 5 spezifische Polypeptide des menschlichen Nebenhodens sowie für diese Polypeptide kodierende Nukleotidsequenzen bekannt, die in engem Zusammenhang mit der Spermienreife im Nebenhoden stehen. Diese Nukleotidsequenzen sowie die entsprechenden Expressionsprodukte als auch dagegen gerichtete Antikörper sind geeignet zur Diagnose und zur Verwendung bei der Behandlung männlicher Infertilität.

Die der vorliegenden Erfindung zugrundeliegende Aufgabe besteht daher in der Bereitstellung weiterer Mittel, mit deren Hilfe Störungen des Proteinstoffwechsels im Nebenhoden des Menschen und insbesondere männliche Infertilität diagnostiziert und gegebenenfalls therapiert werden können.

Zur Lösung der Aufgabe werden das erfindungsgemäße, Nebenhodenspezifische Rezeptorprotein (NSRP) gemäß SEQ ID NO 2 sowie aktive Derivate oder Fragmente desselben mit gleicher biologischer Wirksamkeit und/oder Immunogenität, sowie für das erfindungsgemäße NSRP kodierende DNA-Sequenzen, insbesondere solche gemäß SEQ ID NO 1 und von dieser abgeleitete DNA-Sequenzen, sowie unter Berücksichtigung der Degeneration des genetischen Codes mit diesen DNA-Sequenzen übereinstimmende DNA-Sequenzen vorgeschlagen.

Die Erfindung schließt ferner homologe Aminosäure- und entsprechende DNA-Sequenzen mit einem Homologegrad von mindestens 70%, vorzugsweise mindestens 80% und in besonders bevorzugter Weise mindestens 90% ein. Schließlich sind Nukleotidsequenzen, welche mit den zuvor genannten unter den nachfolgend definierten Bedingungen hybridisieren, erfindungsgemäß eingeschlossen und insbesondere als Sonden geeignet.

Die Isolierung und Identifizierung von Nebenhoden-spezifischen Rezeptorproteinen, welche an der Schaffung des oben beschriebenen Nebenhodenmilieus beteiligt sind, nach konventionellen Verfahren ist wegen der geringen Mengen des zur Verfügung stehenden Gewebes nicht möglich.

Im Rahmen der vorliegenden Erfindung ist es nunmehr erstmals gelungen, ein spezifisches transmembranes Rezeptorprotein des Nebenhodens von Säugern nachzuweisen, zu charakterisieren und seine Herstellung mittels rekombinanter Verfahren oder chemischer Synthese zu ermöglichen.

Zur Identifizierung des erfindungsgemäßen Rezeptorproteins wurde zunächst eine cDNA-Bibliothek aus epididymaler mRNA in Lambda gtl1 (Clontech, California) erstellt, sodann wurden die Nebenhoden-spezifischen Rekombinanten in einer Folge von differentiellen Hybridisierungsschritten selektiert (vgl. Figuren 1 u. 3 bis 5) und anschließend in dem bakteriellen Plasmid pBS (Stratagene, California, USA) subkloniert und charakterisiert.

Das differentielle Screening zielte darauf ab, Klone von mRNA's zu isolieren, welche im Gewebe des Nebenhodens, nicht aber im Gewebe anderer und funktionsverwandter Organe vorhanden sind. Bei dem erfindungsgemäß eingesetzten Verfahren diente im ersten Schritt menschliches Hodengewebe als Vergleichsmaterial. Da einige der als Ausgangsmaterial verwendeten Gewebeproben von orchiectomierten Männern stammten, die mit verschiedenen Medikamenten behandelt worden waren, wurde zunächst überprüft, ob und in welchem Umfang die Medikation den Einfluß auf das jeweilige Polypeptidmuster ausübt. Es konnte jedoch an 7 Patienten unterschiedlichen Alters und unterschiedlicher Medikation gezeigt werden (vgl. Beispiel 2 und Figur 2a bis c), daß die Muster durch vorherige Verabreichung von Medikamenten nur unwesentlich beeinflußt werden und daß auch die individuellen Abweichungen gering sind.

Wie in Figur 1 schematisch dargestellt ist, erfolgte das Screening erfindungsgemäß in einer primären und einer sekundären Stufe, wobei in der primären Stufe durch Kreuzhybridisieren mit Testis-mRNA potentiell Nebenhodenspezifische Klone isoliert wurden und diese in der sekundären Stufe durch Kreuzhybridisieren mit mRNA aus Gehirn und Leber weiter selektioniert wurden (vgl. Beispiel 3 und Figuren 3 und 4).

Durch nachfolgende Northern-Blot-Analyse gegen Gesamt-mRNA aus Hoden und menschlicher Decidua konnte die Zahl der in Betracht kommenden Klone weiter eingengt und schließlich sechs unabhängigen cDNA-Familien zugeordnet werden (vgl. Beispiel 3 und Figur 5). Aus einer dieser cDNA-Familien wurde der für das erfindungsgemäße Rezeptorprotein kodierende cDNA-Klon gemäß SEQ ID NO 1 isoliert.

Die erfindungsgemäß gewonnenen Ergebnisse zeigen, daß die diesem Klon zugrunde liegende mRNA nicht in anderen menschlichen Geweben synthetisiert wird (vgl. Figur 6); es handelt sich demgemäß um ein Nebenhodenspezifisches Molekül. Die Figuren 6 und 7 zeigen die jeweils zugrundeliegenden Autoradiogramme.

Die Nukleotid- sowie die entsprechende Aminosäuresequenz des erfindungsgemäßen cDNA-Klons wurden wie in Beispiel 7 angegeben analysiert. Das Ergebnis ist in SEQ ID NO 1 wiedergegeben.

Die Spezifität dieses Klons und damit des entsprechenden Expressionsprodukts ergibt sich aus seiner ausschließlichen Northern-Hybridisierung mit aus humanem Nebenhoden extrahierter RNA, die in keinem anderen untersuchten humanen Gewebe einschließlich den Organen Gehirn und Leber durch Kreuzhybridisierung nachgewiesen werden konnte. Die Gewebespezifität wurde ferner dadurch bestätigt, daß eine homologe, unter Anwendung der PCR-Technologie hergestellte Sonde aus der Ratte ebenfalls ausschließlich mit RNA aus dem Nebenhodengewebe hybridisierte, nicht aber mit RNA eines anderen Gewebes dieser Tierart (vgl. Figur 7).

Eine vollständige Sequenzierung einer Reihe von homologen cDNA-Klonen, die aus zwei humanen NebenhodencDNA-Bibliotheken isoliert bzw. durch Anwendung des 5'RACE-Verfahrens (M.A. Frohman, RACE: Rapid Amplification of cDNA ends, in: PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications, Academic Press Inc., S. 28 - 38 (1990))

ermittelt wurden, ergab ein einheitliches Gentranskript gemäß SEQ ID NO 1 mit einer Länge von 4665 Nukleotiden, welche mit der Länge der mRNA korrespondiert, die durch Northern-Hybridisierung bestimmt wurde. Diese Sequenz umfaßt einen vollständigen Leserahmen, der für ein Polypeptid von 1038 Aminosäuren kodiert.

Die Homologie der erfindungsgemäßen Aminosäure- und DNA-Sequenzen (SEQ ID NO 1 und 2) mit den in verschiedenen internationalen Datenbanken (NIH-Genbank data-base, EMBL, PIR) gespeicherten Sequenzen wurde analysiert. Dabei zeigte es sich, daß die maximale gefundene Homologie gegenüber der "Sekretin/VIP Superfamilie" von G-Protein gekoppelten Rezeptoren (W.C. Probst et al., Sequence Alignment of G-Protein Coupled Receptor Superfamily, DNA and Cell Biology, 11, S. 1 - 20 (1992)) bestand und 25% betrug. Es handelt sich demgemäß um einen bisher unbekannten Rezeptor, dessen langes N-terminales Ende auf eine extrazelluläre Domäne hinweist, die mit derjenigen von Glykoprotein-Rezeptoren vergleichbar ist, d.h. um einen neuen Rezeptor für einen großen Glykoprotein-Liganden, der aus dem testikulären Sekret stammt. Anhand einer Hydrophobizitätsanalyse (Bsp. 7) wurden sieben klar definierte hydrophobe Bereiche aufgezeigt, welche als transmembrane Domänen zu bezeichnen sind (vgl. Figur 8a). Die Struktur des erfindungsgemäßen Proteins kennzeichnet dieses als membranständigen Rezeptor, welcher der Genfamilie der G-Protein gekoppelten Rezeptoren zuzuordnen ist (s.o.). Er besitzt die für diese Gruppe von Proteinen typische G-Protein-Bindungsdomäne, mit deren Hilfe Informationen durch den Rezeptor transduziert und über G-Proteine in das Innere von Zellen weitervermittelt werden (L. Birnbaumer, J. Abramowitz und A.M. Brown, Receptor-effector coupling by G proteins, Biochem. Biophys. Act. 1031, 163 - 224 (1990)).

Das erfindungsgemäße Rezeptorprotein liegt im Nebenhoden in hoher Abundanz vor (die mRNA macht etwa 0,01 % der cDNA-Bibliothek aus) und *in situ* Hybridisierungsversuche lokalisierten die mRNA in den Epithelzellen, welche den Ductus epididymidis auskleiden.

Ferner handelt es sich um ein unter den Säugerspezies hochkonserviertes Molekül, da bei den bisher untersuchten Säugerspezies eine Homologie der Expressionsprodukte von etwa 90% bei gleicher Gewebespezifität gefunden wurde.

Die für das neue erfindungsgemäße Rezeptorprotein kodierenden Nukleotidsequenzen können nach herkömmlichen Verfahren über geeignete Vektoren in pro- oder eukaryontische Wirtszellen transferiert und dort als Protein exprimiert werden.

Erfindungsgemäß sind sämtliche DNA-Sequenzen geeignet und eingeschlossen, die nach Transformation geeigneter pro- und/oder eukaryontischer Wirtszellen die Gewinnung von Nukleinsäuren zur Verwendung als Diagnostika und/oder die Expression von Proteinen oder Polypeptiden gewährleisten, welche zumindest einen Teil der Primärstruktur und eine oder mehrere der biologischen und/oder immunogenen Eigenschaften des erfindungsgemäßen Rezeptorproteins aufweisen. Diese Sequenzen in einzel- oder doppelsträngiger Form umfassen insbesondere:

a) Die im Sequenzprotokoll unter der SEQ ID NO 1 angegebene Nukleotidsequenz, die dort angegebene Sequenz von den Nukleotiden 1 bis 3114, zu den vorgenannten Sequenzen homologe Sequenzen mit einem Homologiegrad von mindestens 70%, und Fragmente derselben, soweit sie für Polypeptide oder Proteine mit gleicher biologischer Wirksamkeit und/oder Immunogenität kodieren, sowie syngene oder komplementäre Sequenzen;

b) Nukleotidsequenzen, die mit dem proteinkodierenden Bereich der unter a) angegebenen Nukleotidsequenz hybridisieren, beispielsweise unter den in den Beispielen 3 oder 4 angegebenen Hybridisierungsbedingungen;

c) Nukleotidsequenzen, die mit Ausnahme der durch die Degeneration des genetischen Codes verursachten Abweichungen mit den unter a) und/oder b) genannten Sequenzen hybridisieren.

Der Begriff "syngene Sequenz" umfaßt alle Sequenzen, die sich von dem gleichen oder homologen Gen ableiten und für das Rezeptorprotein im Sinne der Erfindung kodieren bzw. zur Herstellung von Sonden verwendbar sind. Der Begriff umfaßt insbesondere auch Sequenzen, die Abweichungen aufgrund der Degeneration des genetischen Codes aufweisen, sowie RNA-Sequenzen.

Die Erfindung umfaßt ferner Derivate in Form natürlich vorkommender allelischer Variationen des erfindungsgemäßen Rezeptorproteins oder Fragmente derartiger Allelvariationen, wobei sich die verschiedenen allelischen Formen sowohl jeweils voneinander, als auch von der im Sequenzprotokoll unter der SEQ ID NO 2 angegebenen Aminosäuresequenz hinsichtlich der Sequenzlänge als auch in Bezug auf Deletionen, Substitutionen, Insertionen oder Additionen von Aminosäuren unterscheiden können.

Der Begriff "Proteine oder Polypeptide mit gleicher biologischer Wirksamkeit und/oder Immunogenität" bezeichnet erfindungsgemäß Moleküle, die a) die gleiche Nebenhoden-Spezifität, und b) die gleiche Liganden-Bindungsfähigkeit aufweisen wie die erfindungsgemäß identifizierten Proteine und Polypeptide. Erfindungsgemäß umfaßt der Begriff "Ligand" sowohl Antikörper gegen beliebige Epitope, die von den erfindungsgemäßen Proteinen oder Polypeptiden umfaßt sind, als auch sonstige chemische Substanzen oder Moleküle, die in der Lage sind, an eine oder mehrere der bei den erfindungsgemäßen Proteinen oder Polypeptiden vorhandenen Domänen zu binden.

Als geeignete Vektoren für prokaryontische Wirtszellen dienen beispielsweise Plasmide der pET-Serie (Rosenburg et al., "Vectors for selective expression of cloned DNAs by T7 RNA Polymerase", *Gene*, 56, S. 125-135 (1987)), der pGEX-Serie (Pharmacia, Freiburg), der pRIT-Serie (Pharmacia, Freiburg), und der pH6EX3-Serie (Berthold et al., "Purification of Recombinant Antigenic Epitopes of the Human 68-kDa (U1) Ribonucleoprotein Antigen Using the Expression System pH6EX3 Followed by Metal Chelating Affinity Chromatography", *Protein Expression and Purification*, 3, S. 50-56 (1992)). Beispiele für prokaryontische Wirtszellen sind die üblichen Laborstämme von *Escherichia coli* K12 sowie die Stämme BL21 (DE3) und LE392.

Beispiele geeigneter Vektorsysteme für eukaryontische Wirtszellen sind im Falle von Säuger-Zellen SV40 Viren, Polyoma-Viren, Adenoviren, verschiedene Retroviren, Papillomaviren (P.W.J. Rigby, "Expression of cloned genes in eucaryotic cells using vector systems derived from viral replicons", *Genetic Engineering*, Bd. 3, S. 84-141 (1982)), sowie Vaccinia-Viren (Mackett et al., "The construction and characterization of Vaccinia Virus recombinants expressing foreign genes", *DNA Cloning*, Bd. II, (1985), IRL Press, Oxford), und Derivate derselben sowie solche Plasmide, die Teile viraler Gene aufweisen (z.B. pSV2) und als "Shuttle-Vektoren" eingesetzt werden können (P.W.J. Rigby, a.a.O.). Als Vektoren für Insekten-Zellen kommen beispielsweise pJVEL-Bakuloviren (Invitrogen, San Diego, Calif., USA) in Betracht, während für Hefe-Zellen z.B. pJP31, YE- und Ylp-Plasmide (Carter et al., "Expression and secretion of foreign genes in Yeast", *DNA Cloning*, Bd. III, (1987), IRL Press, Oxford) verwendet werden können.

Geeignete Säuger-Zellen sind z.B. COS-Zellen, CHO-Zellen, AtT20-Zellen und NIH3T3-Zellen (Rigby, a.a.O., Mackett et al., a.a.O.), während geeignete Insekten-Zellen z.B. Sf9, Sf21 und TN5 (Invitrogen, San Diego, Calif., USA) sind. Geeignete Hefe-Zellen sind z.B. X4003-5B (Carter, a.a.O.).

Ferner kann das erfindungsgemäße Rezeptorprotein nach bekannten Verfahren chemisch synthetisiert werden (J.M. Stewart, "Synthesis and use of neuropeptides", *Neuroendocrine Peptide Methodology*, ed. P.M. Conn, Academic Press, New York, S. 815-844 (1989)). Das gleiche gilt für Polypeptide oder Peptidepitope mit gleicher Immunogenität, die von Fragmenten oder syngen Sequenzen der erfindungsgemäßen DNA-Sequenz (SEQ ID NO 1) kodiert sind.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide bzw. Proteine, die für diese kodierenden Nukleotidsequenzen einschließlich ihrer komplementären Sequenzen, sowie auf Basis der Polypeptide und Proteine hergestellte Antikörper bieten erstmals die Möglichkeit, Störungen im Proteinstoffwechsel des Nebenhodenepithels zu diagnostizieren und gegebenenfalls zu therapieren bzw. neue kontrazeptive Mittel bereitzustellen.

So können beispielsweise die oben genannten Nukleotidsequenzen mit Markern versehen und als Sonden zur in situ-Hybridisierung bei der Gewebediagnostik von Biopsieproben oder Dünnschnitten verwendet werden, um den physiologischen Zustand des Gewebes hinsichtlich der Präsenz und Konzentration der erfindungsgemäßen Rezeptorproteine zu bestimmen und mit Standard-Werten zu vergleichen.

Polyklonale und monoklonale Antikörper zur Verwendung in immunologischen Nachweisverfahren können mit Hilfe des erfindungsgemäßen hochreinen Polypeptids auf bekannte Weise hergestellt werden. Derartige Antikörper lassen sich auf der Basis des vollständigen Rezeptorproteins sowie auf der Basis von Fragmenten und aktiven Derivaten desselben herstellen, soweit diese die gleiche Immunogenität besitzen (vgl. Beispiele 8, 9).

Die Antikörper können markiert sein und dem Nachweis des erfindungsgemäßen Rezeptorproteins in vitro oder in vivo dienen.

Das erfindungsgemäße Rezeptorprotein sowie dessen biologisch aktive Derivate oder Fragmente mit gleicher Immunogenität können ferner in markierter oder unmarkierter Form als Antigene zur Identifizierung von Autoantikörpern in den Seren infertiler Männer dienen. Diese Möglichkeit ist von besonderer Bedeutung, da vermutet wird, daß die Infertilität in einem großen Teil der Fälle auf das Vorhandensein von Autoantikörpern gegen wesentliche Komponenten des Fortpflanzungssystems zurückzuführen ist. Die bisher zur Verfügung stehenden Testmethoden messen jedoch nur Antikörper, die gegen einige Sperm-Oberflächen-Antigene gerichtet sind, wobei ein ausreichend hoher Titer der Antikörper vorhanden sein muß, um die Sperm-Agglutination erfolgen zu lassen. Es wird jedoch angenommen, daß Antikörper in weitaus niedrigeren Titern vorhanden sein und Infertilität verursachen können. Diese können mit dem erfindungsgemäß hergestellten reinen Rezeptorprotein als Antigen erfaßt werden.

Ausgehend von der erfindungsgemäß offenbarten Aminosäuresequenz bieten sich hinsichtlich der Gewinnung von Antigenen zur Herstellung von Antikörpern zwei unterschiedliche Verfahren an.

Zum einen läßt sich mit Hilfe eines Computers eine potentiell immunogene Region der interessierenden Proteinsequenz auswählen, welche einerseits relativ hydrophil ist und damit an der Außenseite des Proteinmoleküls liegt, andererseits aber nicht durch Bildung von Cystein-Doppelbrücken oder möglichen Glykosylierungsstellen in ihrer sterischen Konformation gestört wird.

Dieser Peptidbereich wird anschließend gegebenenfalls zusammen mit flankierenden Aminosäuren synthetisiert, nachfolgend an Trägersubstanzen gekoppelt und als Immunogen für die Induktion von Antikörpern eingesetzt (vgl. Beispiel 9).

Alternativ läßt sich beispielsweise die für das interessierende Polypeptid kodierende Nukleotidsequenz in einen geeigneten Expressions-Plasmidvektor umklonieren. Nach anschließender Transformation in geeignete Bakterien erlauben diese Vektoren eine induzierbare Expression des kodierten Polypeptids. Das auf diese Weise hergestellte

bakteriogene Protein oder Proteinfragment kann nach Aufreinigung aus dem Bakterienextrakt direkt als Antigen für eine Immunisierung zur Induktion von Antikörpern verwendet werden (vgl. Beispiel 8).

Die Antikörper können mit einem nachweisbaren Marker wie z.B. einem fluoreszierenden Molekül (Fluorophor) versehen und beispielsweise bei Gewebeproben eingesetzt werden, um das Vorhandensein des Nebenhoden-spezifischen Rezeptorproteins im Nebenhodenepithel mit Hilfe der Immunfluoreszenz zu bestimmen.

Die Identifizierung und Charakterisierung des erfindungsgemäßen Rezeptorproteins als hochspezifisches Vermittler-Molekül, welches ausschließlich auf den Zellen des Nebenhodenepithels von Säugern vorhanden und in der Lage ist, Informationen zur Steuerung der Zellfunktion innerhalb der Zellen des Epithels weiterzuleiten, macht es zu einem äußerst interessanten Kandidaten zur Diagnose und ggfs. zur Beeinflussung der zuvor erwähnten Physiologie des Nebenhodenepithels. Durch eine derartige gezielte positive Beeinflussung kann der Spermienreifungsprozess im Nebenhoden auf therapeutischem Wege verbessert werden, indem beispielsweise der im zu behandelnden Individuum fehlende oder in unzureichender Menge gebildete Ligand medikamentös verabreicht wird. Andererseits kann eine negative Beeinflussung des Epithels zu einer Verschlechterung der Spermienreifung und damit zur Bereitstellung neuer kontrazeptiver Mittel für den Mann führen. Zu diesem Zwecke ist beispielsweise ein künstlicher Ligand geeignet, der an das erfindungsgemäße Rezeptorprotein zwar fest bindet, jedoch keine Signalübertragung bzw. -weiterleitung auslöst. Ferner können gegen das erfindungsgemäße Rezeptorprotein oder dessen aktive Derivate bzw. Fragmente mit gleicher Immunogenität gerichtete Antikörper eingesetzt werden, um den oder die für das Rezeptorprotein spezifischen Liganden im Wege einer kompetitiven Verdrängung an der Bindung und somit an einer Signalauslösung zu hindern.

Durch Anwendung bestimmter Verfahren wie z.B. Phagen-Display und Peptid-Display (J.K. Scott und G.P. Smith, Searching for peptide ligand with an epitope library, *Science* **249**, S. 386-390 (1990); J.J. Devlin et al., Random peptide libraries: a source of specific protein binding molecules, *Science* **249**, S. 404-406 (1990)), Evolutive Biotechnologie (M. Eigen, Selforganization of matter and the evolution of biological macromolecules, *Die Naturwissenschaften* **58**, S. 465-523 (1971); M. Eigen, Automated molecular evolution, Max-Planck-Institut f. Biophysikalische Chemie (1991)) ist es dem Fachmann ohne weiteres möglich, künstliche Liganden zu identifizieren, die die Fähigkeit besitzen, spezifisch und mit hoher Affinität an ein solches Rezeptorprotein zu binden und entweder agonistisch oder antagonistisch auf dessen Fähigkeit zur Signalübertragung zu wirken (Bsp. 11). Auf diesem Wege können Moleküle bereitgestellt werden, mittels derer die Zellen, welche das Rezeptorprotein exprimieren, in ihrer Physiologie positiv (therapeutisch) oder negativ (kontrazeptiv) beeinflussbar sind.

Die Erfindung wird nachfolgend anhand von Beispielen im einzelnen erläutert.

Beispiel 1

RNA-Präparation

Gesamt-RNA wurde nach dem Verfahren von J.M. Chirgwin et al., Isolation of biologically active ribonucleic acid from sources enriched in ribonuclease, *Biochemistry*, **18**, 5294, (1979), aus den gefrorenen Geweben menschlicher Hoden (Testis) und Nebenhoden (Epididymis), die Männern mit Prostatakarzinom im Alter von 58 und 74 Jahren durch Orchiektomie entnommen worden waren, unter Einsatz von Guanidin-Isothiocyanat extrahiert und anschließend durch Cäsiumchlorid-Dichtegradienten-Zentrifugation gereinigt. Durch Verwendung einer Oligo(dT)-Cellulosesäule konnte Poly(A)+RNA affinitätschromatographisch angereichert werden, wie von H. Aviv & P. Leder, Purification of biologically active globin messenger RNA by chromatography on oligothymidylic acid-cellulose, *Proc. Natl. Acad. Sci., USA*, **69**, 1408-1412, (1972), beschrieben. Die RNA-Proben wurden mit Ethanol gefällt und nach Resuspendieren in sterilem Wasser in einer Konzentration von 1 µg/µl bei -80°C aufbewahrt.

Beispiel 2

In vitro-Translation und Charakterisierung der Produkte durch zweidimensionale Gelelektrophorese

0,5 bis 1 µg der Poly(A)+RNA von Nebenhoden und Hoden aus Beispiel 1 wurden jeweils in einem zellfreien System eines Retikulozyten-Lysats aus Kaninchen (New England Nuclear (NEN), Dreieich, BRD) *in vitro*-translatiert. Die Synthese wurde in Gegenwart von (³⁵S)-Methionin (spezifische Aktivität >1000 Ci/mmol) durchgeführt. Die resultierenden Proteinprodukte wurden anschließend in einem zweidimensionalen Gel elektrophoretisch aufgetrennt (vgl. P.H. O'Farrel, High resolution two-dimensional electrophoresis of proteins, *J.Biol. Chem.*, **250**, 4007-4021 (1975)). Für die erste Dimension wurde jeweils eine Menge von 350 000 cpm der mit (³⁵S)-Methionin markierten Translationsansätze auf das Gel aufgetragen und bei einer angelegten Spannung von 10 000 V.h isoelektrisch fokussiert. Der pH-Gradient lag zwischen 4,0 und 7,5. Die Auftrennung der Polypeptide nach ihrem Molekulargewicht wurde in der zweiten Dimension innerhalb eines linearen Gradienten von 7,5 - 15% Acrylamid durchgeführt (vgl. D.M. Neville & H. Glossmann, Molecular weight determination of membrane protein and glycoprotein subunits by discontinuous gel electropho-

resis in dodecylsulfate, Meth. Enzym., **32**, 92-102, (1974)). Zur Abschätzung der Molekulargewichte wurde in der zweiten Dimension ein mit ^{14}C markierter Protein-Marker (Amersham, GB) aufgetragen. Anschließend wurde das Gel mit Hilfe des autoradiographischen Films Kodak X-AR5 fluorographiert (vgl. W.M. Bonner & R.A. Laskey, A film detection method for Tritium-labelled proteins and nucleic acids in polyacrylamide gels, Europ. J. Biochem., **46**, 83-88, (1974)).

Die Expositionszeit betrug 8 Tage. Die Ergebnisse sind in Figur 2 wiedergegeben.

Die die Ergebnisse darstellende Figur 2 zeigt das Muster der zellfrei synthetisierten Translationsprodukte, die sich von Nebenhoden- bzw. Hoden-spezifischer Poly(A)+RNA ableiten.

Insbesondere zeigt Figur

2a: Nebenhodengewebe eines 74 Jahre alten, mit Cyproteronacetat behandelten Orchiektomie-Patienten,

2b: Nebenhodengewebe eines 58 Jahre alten, nicht mit Medikamenten behandelten Orchiektomie-Patienten,

2c: Hodengewebe desselben, nicht mit Medikamenten behandelten Patienten (siehe Figur 2b).

Nebenhoden-spezifische Translationsprodukte, deren korrespondierende Banden in Figur 2c (Translationsprodukte von mRNA aus Hoden) nicht auftauchen, sind durch kleine Pfeile gekennzeichnet (siehe Figur 2b).

Eine Veränderung der Expression im Nebenhodengewebe durch vorherige Behandlung mit Antiandrogenen zeigt ein Vergleich der Figuren 2a und 2b. Banden, die in Figur 2a gegenüber Figur 2b reduziert sind, wurden durch große Pfeile markiert. Die Molekulargewichte des Proteinmarkers sind in Kilodalton angegeben. Actin(A)- und Tubulin(T)-ähnliche Produkte sind jeweils gekennzeichnet.

Beispiel 3

Erstellung der cDNA-Gesamtbibliothek und Auswahl potentiell spezifischer Klone

Die Kultivierung, Handhabung und Erhaltung von Bakterien und Bakteriophagen sowie der Einsatz DNA-rekombinierender Techniken erfolgte nach den Angaben von T. Maniatis et al., Molecular Cloning, A Laboratory Manual, Cold Spring Harbour Laboratory, Cold Spring Harbour, N.Y., (1982).

a) Für die Erstellung der cDNA-Bibliothek wurde Poly(A)+RNA aus dem Nebenhoden-Gewebe eines nicht medikamentös behandelten Patienten eingesetzt (bezüglich Muster der *in vitro*-Translationsprodukte, vgl. Figur 2b). 20 µg von Poly(A)+RNA gemäß Beispiel 1 wurden unter Verwendung von Oligo(dT) als Primer revers transkribiert (vgl. U. Gubler & B.J. Hoffmann, A simple and very efficient method for generating cDNA libraries, Gene, **15**, 263-269, (1983)).

Die doppelsträngigen cDNA-Konstrukte wurden auf beiden Seiten mit *Eco*RI-Linkern ligiert und anschließend in die *Eco*RI-Klonierungsstelle des Bakteriophagen Lambda gIII (Clontech California) eingeführt.

Zum Auffinden von Klonen vollständiger Länge wurde eine weitere, Nebenhoden-spezifische cDNA-Bibliothek im wesentlichen nach dem dargelegten Verfahren erstellt, jedoch mit der Abweichung, daß die cDNA-Konstrukte unidirektional kloniert wurden. Dies erfolgte, indem das jeweilige 5'-Ende mit einem *Eco*RI-Linker und das jeweilige 3'-Ende mit einem *Xho*I-Linker ligiert und das jeweilige Konstrukt sodann in den Bakteriophagen Lambda Uni-ZAP (Stratagene, La Jolla, Kalifornien) eingeführt.

Bakterien der *E. coli*-Stämme Y 1090 und XL1-Blue wurden bis zur logarithmischen Phase angezogen, in Weich-Agarose überführt und zusammen mit der nicht amplifizierten Lambda-Bibliothek in einer Phagendichte von 500 bis 1000 pfu pro Petrischale (15 cm) ausplattiert und 8 Stunden lang bei 42°C bzw. 37°C inkubiert.

Für das differentielle Screening wurden die Plaques einer jeden Schale nachfolgend auf zwei Nitrocellulose-Filter (Schleicher & Schüll, Darmstadt, BRD, BA85) Replika-plattiert, wobei die Inkubationszeit für das erste Filter 1 Minute, für das zweite Filter 2 Minuten betrug.

In dieser Weise wurden Replika-Filter von insgesamt 20 Petrischalen hergestellt und anschließend mit jeweils zwei einzelsträngigen, radioaktiv markierten cDNA-Sonden (vgl. b, unten) (positiv/negativ) hybridisiert.

b) Die Sonden aus Poly(A)+RNA von Nebenhoden (liefert positive Sonde) und aus Poly(A)+RNA von Hoden (liefert negative Sonde) wurden unter Verwendung von Oligo(dT) als Primer wie folgt hergestellt:

Beide RNA-Spezies entstammten den entsprechenden Geweben eines Patienten, der keiner medikamentösen Vorbehandlung ausgesetzt worden war. Jeweils 1 µg der Poly(A)+RNA gemäß Beispiel 1 wurde 5 Minuten lang bei 65°C in einem Volumen von 2 µl denaturiert. Nach schnellem Abkühlen der Ansätze auf Eis wurden jeweils folgende Bestandteile nacheinander zugegeben:

- 2 µl Oligo(dT) (100 µg/ml)
- 1 µl dNTP-Mix (dATP, dGTP, dTTP jeweils 2 mM)
- 1 µl 40 mM Natriumpyrophosphat
- 1 µl RNasin (Amersham; GB)
- 2 µl 10x Reverse Transkriptase-Puffer (500 mM Tris-Cl (pH 8,5), 500 mM KCl, 100 mM MgCl₂, 100 µg/ml BSA, 10 mM EDTA, 10 mM Dithiothreitol)
- 20 Einheiten AMV reverse Transkriptase (Boehringer Mannheim, BRD)
- 10 µl (α-³²P)-dCTP (NEN, 10 µ Ci/µl; S.A. > 3000 Ci/mmol).

Die Reaktionsansätze wurden 15 Minuten lang bei 42°C inkubiert. Nach Zugabe von 1 µl "Chasemix" (enthaltend alle vier dNTP's in einer Konzentration von jeweils 10 mM) wurde die Inkubation für weitere 20 Minuten fortgesetzt. Die Reaktion wurde durch Zugabe von jeweils 1 µl 0,5 M EDTA abgestoppt und die Produkte ohne weitere Reinigung mit Ethanol gefällt. Die mit einer spezifischen Aktivität von > 10⁸ cpm/µg markierten Sonden wurden mit den oben genannten Replika-Filtern parallel hybridisiert. Die Hybridisierung wurde in 5x Denhardt's-Lösung, 4x SET (200 mM Tris (pH 8,0), 20 mM EDTA, 0,6 M NaCl), 0,1% Natriumpyrophosphat und 25 mM Natriumphosphatpuffer (pH 7,0) 72 Stunden lang bei 65°C und einer Konzentration der Radioaktivität von 5 x 10⁶ cpm/ml durchgeführt. Die Filter wurden anschließend in 0,1% SDS, 2x SSC (300 mM Natriumchlorid, 30 mM Natrium₃-Citrat) bei einer Temperatur von 65°C gewaschen.

Die Figur 3 zeigt die Autoradiogramme zweier Replika-Filter von einer der Petrischalen, welche mit epididymalen (a) bzw. testikularen (b) cDNA-Sonden hybridisiert wurden. Die Entwicklung der Autoradiogramme erfolgte nach einer Expositionszeit von 16 Stunden unter Verwendung einer Verstärker-Folie. Die Filter repräsentieren etwa 500 unabhängige Klone der im System Lambda gt 11 erstellten cDNA-Gesamtbibliothek aus Nebenhodengewebe. Die positiven, Epididymis-spezifischen Hybridisierungssignale sind mit Pfeilspitzen markiert (vgl. Figur 3a).

Mit Hilfe dieses Primär-Screening-Verfahrens (vgl. Figur 1a) konnten etwa 10 000 unabhängige cDNA-Klone analysiert werden. Dabei konnten 265 Rekombinanten identifiziert werden, deren Signale nach Hybridisierung mit der epididymalen cDNA-Sonde im Vergleich zu der aus Hodengewebe hergestellten sehr viel stärker waren. Bezogen auf den durch Screening analysierten Teil der Phagen-Bibliothek entspricht die Anzahl positiver cDNA-Klone einem Anteil von 2,5%.

Positive cDNA-Klone wurden isoliert und für ein Sekundär-Screening in Gruppen mit bis zu 80 Klonen aufgeteilt.

Das oben beschriebene Verfahren wurde mit der Abweichung wiederholt, daß von jeder der in Gruppen von jeweils 80 Klonen bewachsenen Petrischalen je 3 Replika-Filter angefertigt wurden. Zur Herstellung der negativen cDNA-Sonden wurde hier Poly(A)+RNA aus menschlichem Gehirn bzw. aus menschlicher Leber (Clontech California, USA) verwendet.

Die Anzahl positiver Rekombinanten wurde nach Analyse dieses sekundären Screening-Verfahrens (vgl. Figur 1b) auf 59 Klone reduziert (vgl. Figur 4).

Die Isolierung positiver Klone erfolgte ohne weitere Reinigung der Plaques. Die gereinigte Lambda-DNA wurde mit *Eco*RI geschnitten und die Inserts durch Biotrap-Elution (Schleicher & Schüll) isoliert. Die *Eco*RI-Inserts wurden in den bakteriellen Plasmid-Vektor pBS (Stratagene, California, USA) subkloniert und durch das CaCl₂-Transformationsverfahren in die Bakterienzellen des *E.coli*-Stammes XL1 Blue (Stratagene, California) eingeführt (vgl. T. Maniatis et al., Molecular cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbour Laboratory, Cold Spring Harbour, N.Y., (1982)).

Beispiel 4

Herstellung von Northern-Blots zur Analyse der gewebespezifischen Genexpression und Einteilung der Nebenhoden-spezifischen cDNA-Klone in Familien mit verwandten Sequenzen

20 µg Gesamt-RNA aus menschlichem Epididymis (E) von einem mit Cyproteronacetat behandelten Patienten sowie die gleiche Menge Gesamt-RNA aus menschlichem Hoden (T) und menschlicher Decidua (D) wurden in einem horizontalen 1,3%-igen Formaldehyd-Agarosegel 16 Stunden lang bei einer konstanten Spannung von 25 Volt elektrophoretisch aufgetrennt (vgl. Maniatis et al., Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbour Laboratory, Cold Spring Harbour, N.Y., (1982) (Figuren 5, 6 u. 7)). Zur Größenbestimmung der RNA's wurde das Gel zusätzlich mit einer RNA-Leiter (0,24-9,5 kB) beladen. Die RNA wurde anschließend durch Kapillar-Blotting in Gegenwart von 20 x SSC auf Nylonmembranen (Hybond N, Amersham) übertragen. Die Blots wurden nachfolgend mit radioaktiven, potentiell Epididymis-spezifischen cDNA-Sonden sukzessive hybridisiert. Die Sonden wurden durch *Eco*RI-Restriktion der im Plasmid pBS subklonierten Lambda gt11-DNA sowie anschließender Biotrap-Elution isoliert und wiesen nach radioaktiver Markierung eine spezifische Radioaktivität von > 10⁹ cpm/µg auf (vgl. A.P. Feinberg und B. Vogelstein, A technique for radiolabelling DNA restriction endonuclease fragments to high specific activity, Analytical Biochemistry, 132, 6-13, (1983)). Die Hybridisierung erfolgte über Nacht bei einer Radioaktivitätskonzentration von 1-2 x 10⁶ cpm/

ml. Nachfolgend wurden die Filter schrittweise unter steigender Stringenz gewaschen, beginnend mit 2 x SSC bei Raumtemperatur bis zu 0,1 x SSC bei einer Temperatur von 65°C. Zur Dehybridisierung wurden die Filter 15 Minuten bei 65°C in Gegenwart von 2 mM Tris (pH 7,5), 1 mM EDTA und 0,1% SDS inkubiert. Die getrockneten Filter wurden auf das Vorhandensein von Sondenmaterial autoradiographisch untersucht, bevor sie im Falle ausbleibender Signale für eine wiederholte Hybridisierung mit einer weiteren Sonde verwendet wurden.

In Figur 5 sind Beispiele für die Autoradiogramme der Northern-Blot-Analysen potentiell positiver cDNA-Klone dargestellt. Die Expositionszeit betrug 20 Stunden. Anhand der unterschiedlichen Hybridisierungsmuster wurden die Klone hinsichtlich ihrer Gewebespezifität qualitativ bewertet.

- a) Positiver cDNA-Klon, angezeigt durch Nebenhoden-spezifische Hybridisierung.
- b) Positives, aber nicht Nebenhoden-spezifisches Hybridisierungsmuster.
- c) Positiver cDNA-Klon (*), der auch mit rRNA hybridisiert.
- d) cDNA-Klon ohne Gewebe-spezifische Expression.

Mit Hilfe dieses Verfahrens konnte eine Anzahl von 36 epididymalen cDNA-Klonen identifiziert werden. Das spezifische Hybridisierungssignal eines jeden Klon-Inserts mit epididymaler RNA war um mindestens eine Größenordnung stärker als solche mit RNA aus Hoden oder Dezidua (vgl. Figur 5a).

Durch die Ergebnisse aus Kreuz-Hybridisierungen mit der ursprünglichen Phagenbibliothek konnten die 36 Nebenhoden-spezifischen cDNA-Klone sechs unabhängigen Familien zugeordnet werden, die jeweils einen Satz zueinander verwandter Klone umfaßten. Dabei konnte gezeigt werden, daß sich fünf der cDNA-Klon-Familien von unterschiedlichen, relativ kurzen mRNA-Molekülen mit einer durchschnittlichen Länge von 600 bis 1000 Nukleotiden ableiten, während der erfindungsgemäße Klon, der die genetische Information für das vorliegende Rezeptorprotein enthält, eine Länge von etwa 5000 Nukleotiden aufweist.

Da auch aus der zweiten cDNA-Bibliothek nur cDNA-Fragmente mit einer maximalen Länge von 3,7 kb isoliert werden konnten (vgl. Fig. 8b), aufgrund der Ergebnisse aus der Northern-Hybridisierung jedoch von einer mRNA-Länge von etwa 5 kb auszugehen war, wurde der 5'-Anfang dieser cDNA unter Anwendung der 5'-RACE-Methode kloniert (RACE = Rapid amplification of cDNA ends; M.A. Frohman et al., "Rapid production of full-length cDNAs from rare transcripts: Amplification using a single gene-specific oligonucleotide primer", Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 85, S. 8998-9002 (1988)). Hierfür wurden aus dem 5'-Bereich der bekannten 3,7 kb umfassenden cDNA-Sequenz zwei genspezifische Antisense-Primer A1 und A2 (A1= 5'AGC TAT GGG AGC TGA AG 3'; A2= 5'TGT CAA TGG CAG GGC TG 3') hergestellt. Mit Hilfe dieser Primer wurde ausgehend von 1 µg Gesamt-RNA aus humanem Nebenhoden unter Anwendung des Protokolls "5'RACE System for Rapid Amplification of cDNA Ends" der Fa. Gibco BRL, Berlin, ein 5'-Fragment mit einer Länge von 996 Nukleotiden erhalten, welches mit der bereits bekannten cDNA-Sequenz über eine Länge von 49 Nukleotiden (einschl. A1-Primer) überlappte (vgl. Fig. 8b, 5'RACE-Fragment, 1,0 kb).

Beispiel 5

Kontrolle der Gewebespezifität des erfindungsgemäßen Klons

Jeweils 20 µg Gesamt-RNA aus humaner Decidua, Nebenhoden (Epididymis), und Hoden (Testis) wurden gemäß Beispiel 4 aufgetrennt und auf Nylonmembranen übertragen. Zur Kontrolle der Gewebespezifität des erfindungsgemäßen Klons wurden außerdem jeweils 10 µg Poly(A)⁺RNA aus Nebenhoden und Gesamt-RNA aus Samenleiter (Vas deferens), sowie jeweils 20 µg Gesamt-RNA aus einer Lymphoblastoid-Zelllinie (Daudi), aus Prostatakarzinom-Zelllinien (LNCaP, DU145) und aus embryonalen, epididymalen Zelllinien (RVP, REP) analog aufgetrennt und ebenfalls auf eine Nylonmembran übertragen. Als Sonde wurde in Figur 6a ein mit ³²P markiertes cDNA-Insert aus dem 3'-Bereich des erfindungsgemäßen Klons (vgl. Fig. 8b, 3'-UTR) eingesetzt und mit Northern-Blots gemäß Beispiel 4 hybridisiert. In Figur 6b wurde demgegenüber ein mit ³²P markiertes BamHI-cDNA-Insert aus dem 5'-Bereich des erfindungsgemäßen Klons eingesetzt (vgl. Fig. 8b, 5'BamHI-Fragment). Die Figur 6c zeigt einen Northern-Blot nach Hybridisierung mit einem mit ³²P markierten 5'-RACE-Fragment des erfindungsgemäßen Klons.

Die in Figur 6 a-c dargestellten Ergebnisse zeigen, daß der erfindungsgemäße cDNA-Klon nur mit der epididymalen RNA ein eindeutiges Hybridisierungssignal liefert. Ferner konnte anhand des der Figur 6c entsprechenden Autoradiogramms die Echtheit des 5'-RACE-Fragments bestätigt werden (beachte das ausschließliche Signal mit Nebenhoden-RNA bei ca. 5 kb).

Beispiel 6**Nachweis homologer Sequenzen im Nebenhoden anderer Säugetierarten und Kontrolle der Gewebespezifität des erfindungsgemäßen Klons in der Ratte**

Um zu untersuchen, ob Homologe des erfindungsgemäßen Rezeptorproteins auch in anderen Säugetierarten mit gleicher Gewebespezifität exprimiert werden, wurde unter Anwendung der PCR-Technik (allg. Ref., vgl. R.S. Cha, und W.G. Thilly, Specificity, Efficiency and Fidelity of PCR, PCR-Methods and Applications, Vol. 3, S. 18 - 29 (1993)) versucht, mit dem humanen Subfragment E - F1 (vgl. Fig. 8b, PCR-Subklone, hergestellt unter Verwendung der zwei Primer E = 5' CAT CCG AAA ATA CAT CC 3' und F1 = 5'TGA AGG CAC ACA TCT CC 3') korrespondierende Fragmente aus Nebenhoden-Gesamt-RNA von Ratte, Maus und Hund zu amplifizieren.

Jeweils 5 µg Gesamt-RNA der genannten Tierarten wurden in einem Gesamtvolumen von je 20 µl unter Verwendung von 0,5 µg Oligo(dT)₁₂₋₁₈ (Pharmacia, Freiburg) einer Anelierung unterzogen. Die anschließende Erststrang-Synthese erfolgte in Gegenwart von je 10 mM dATP, dGTP, dCTP und dTTP sowie von 200 Einheiten reverser Transkriptase (Superscript, Gibco BRL, Berlin). Für die nachfolgende PCR-Amplifikation wurde jeweils 1 µl der Produkte der Erststrang-Synthese mit je 10 mM der vier dNTP's, je 20 pM der humanen genspezifischen Primer E und F1 (s. o.) sowie mit je 7 Einheiten Taq-Polymerase (Promega, Heidelberg) in einem Gesamtvolumen von je 50 µl vermischt und folgenden PCR-Zyklen unterworfen: Denaturierung (5 Minuten bei 95°C); dann 30 Zyklen umfassend Denaturierung (1 Minute bei 95°C), Anelierung (1 Minute bei 55°C) und Elongation (1 Minute bei 72°C). Die auf diese Weise erhaltenen komplementären cDNA-Fragmente wurden in 1,2 %igen Agarosegelen elektrophoretisch aufgetrennt. Anschließend wurden Fragmente mit einer Länge von etwa 750 Nukleotiden elektroeluiert und in den Klonierungsvektor pCRII (Invitrogen, ITC Biotechnology, Heidelberg) inseriert. Die Sequenzbestimmung der klonierten DNA-Fragmente erfolgte wie im folgenden Beispiel 7 beschrieben und ergab - sowohl auf der Nukleotid- als auch auf der Aminosäureebene - eine jeweilige Homologie von etwa 90 % zur humanen Sequenz. Dieses überraschende Ergebnis zeigt, daß die für das erfindungsgemäße Rezeptorprotein kodierende DNA-Sequenz zumindest unter Säugern ein hohes Maß an Konservierung aufweist.

Für die Kontrolle der Gewebespezifität des erfindungsgemäßen Klons in der Ratte wurden jeweils 20 µg Gesamt-RNA aus verschiedenen Rattengeweben (mit Ausnahme der 2. Spur (Testis), nur 4 µg) gemäß Beispiel 4 aufgetrennt und auf Nylonmembranen übertragen. Als Sonde wurde ein mit ³²P markiertes cDNA-Insert (spez. Aktivität 19⁹ cpm/µg) aus dem Rattenhomologen des erfindungsgemäßen Klons (E - F1) eingesetzt und mit Northern-Blots gemäß Beispiel 4 hybridisiert. In Figur 7 sind die nach einer Expositionszeit von 15 Stunden entwickelten Autoradiogramme der Northern-Blot-Analyse für den erfindungsgemäßen Klon schematisch dargestellt. In der Mitte der Figur 7 ist eine Rehybridisierung des darüber abgebildeten Blots mit einer Kontroll-Aktin-Sonde dargestellt, aus der hervorgeht, daß sich in allen Spuren des Gels in etwa äquimolare Mengen an RNA befunden haben.

Die Figur 7 zeigt, daß die Sonde E - F1 der Ratte ausschließlich mit Nebenhoden-RNA hybridisierte, wobei die Signale innerhalb des Nebenhodens im Caput (proximale Region) und in der Cauda (distale Region) am stärksten waren (vgl. Spuren 5-7).

Die Ergebnisse der Ratte bestätigen das Nebenhoden-spezifische Expressionsmuster der erfindungsgemäßen Sequenz, denn bei den anderen untersuchten Gewebearten (insgesamt 15) konnte keine Kreuzhybridisierung nachgewiesen werden.

Beispiel 7**Bestimmung der Nukleotid- und der abgeleiteten Aminosäuresequenz des erfindungsgemäßen cDNA-Klons**

Die Basensequenz des längsten erfindungsgemäßen cDNA-Klons gemäß den Beispielen 4, 5 und 6 wurde mit Hilfe der Dideoxy-Methode nach Sanger, F. und Coulson, A.R. "A rapid method for determining sequences in DNA by primed synthesis with DNA polymerase" J. Mol. Biol. 94, 441 (1975) ermittelt. Zu diesem Zweck wurden Subklone gemäß Beispiel 3 hergestellt und unter alkalischen Bedingungen in Einzelstrang-DNA's überführt.

Das Ergebnis für den erfindungsgemäßen Klon ist im Sequenzprotokoll (SEQ ID NO 1) dargestellt.

Die Figur 8a zeigt das Ergebnis des Hydrophobizitäts-Plots, wobei hydrophobe Aminosäuresequenzen unterhalb der Null-Linie dargestellt sind. Auffällig sind die hydrophoben Bereiche zwischen Position 620 und Position 900 der Aminosäuresequenz, die die 7 Transmembrandomänen kennzeichnen und auf einen Rezeptor mit der in Figur 8c allgemein dargestellten Struktur (aus: J.D. Watson et al., "Rekombinierte DNA", 2. Auflage, Spektrum Verlag, S. 299 (1993)) schließen lassen. Beachtenswert ist ferner der 620 Aminosäuren umfassende extrazelluläre N-Terminus. In Figur 8b ist ein korrespondierendes Balkendiagramm des erfindungsgemäßen Proteins dargestellt. Es zeigt den offenen Leserahmen (ORF) in Form eines Kastens mit einer Länge von 3114 Nukleotiden, was einer Kodierungskapazität von 1038 Aminosäuren (aa) entspricht. Die 7 Transmembrandomänen sind schraffiert hervorgehoben und korrespon-

dieren mit den Ergebnissen der Hydrophobizitätsanalyse. Die Nukleotidsequenz von Position 3115 bis Position 4665 umfaßt den 3'nicht-translatierten Bereich (3'UTR) des erfindungsgemäßen Klon und entspricht in etwa dem aus der ersten cDNA-Bibliothek isolierten cDNA-Klon. Unterhalb des Balkendiagramms sind die beiden cDNA-Klone dargestellt, die aus den zwei cDNA-Bibliotheken des Nebenhodens (library 1/library 2) isoliert und sequenziert wurden. Schließlich sind darunter PCR-Subklone und die für ihre jeweilige Synthese eingesetzten Primer (A1, A2, E, F1) dargestellt. Die als Sonden verwendeten Fragmente sind als schwarze Balken hervorgehoben.

Beispiel 8

Herstellung von Antigenen über bakterielle Expressionsvektoren zur Induktion von Antikörpern

Der proteinkodierende Bereich des in den gemäß Beispiel 3 hergestellten pBS-Subklonen inserierten erfindungsgemäßen cDNA-Klons wurde mit Hilfe üblicher Restriktionsendonukleasen herausgeschnitten und auf üblichem Wege (Sambrook et al., "Molecular Cloning - A Laboratory Manual", 2. Auflage, Cold Spring Harbor Laboratory Press (1989)) in den Expressions-Plasmidvektor pET3 (Rosenberg et al., "Vectors for selective expression of cloned DNAs by T7 RNA Polymerase", Gene, **56**, 125-135 (1987)) unter Berücksichtigung des Leserasters umkloniert. Dieser Vektor ermöglicht die Insertion des cDNA-Inserts direkt hinter (stromabwärts) eine für das Enzym T7-Polymerase spezifischen Promotorsequenz und umfaßt außerdem ein Ampicillin-Resistenzgen.

Nach Transformation dieser Konstrukte in den *E. coli* Stamm BL21 (DE3), welcher über das Gen für die T7-Polymerase verfügt, erfolgte die Anzucht der Transformanten unter Ampicillinselektion. Durch Zugabe von Rifampicin wurden alle *E. coli* eigenen Polymerasen inaktiviert. Da lediglich die T7-Polymerase gegen dieses Antibiotikum resistent ist und das erfindungsgemäße cDNA-Insert der Kontrolle des Promotors für die T7-Polymerase unterstand, wurde primär das erfindungsgemäße Polypeptid exprimiert.

Die auf diese Weise hergestellten bakteriogenen Polypeptide wurden anschließend aus den Bakterienextrakten gelelektrophoretisch aufgereinigt und direkt als Antigene für eine Immunisierung von Kaninchen, Hühnern und Ratten verwendet.

Beispiel 9

Herstellung von Antigenen über chemische Synthese zur Induktion von Antikörpern

Die Sequenz Arg-Ile-Lys-Lys-Lys-Lys (korrespondierend mit den Nukleotiden 2503-2520 bzw. Codons 835-840 der SEQ ID NO 1) wurde per Computer als mögliches antigenes Epitop des erfindungsgemäßen Rezeptorproteins identifiziert und zusammen mit den flankierenden Aminosäuren in der Gesamtsequenz Cys-Arg-Ile-Lys-Lys-Lys-Lys-Gln-Leu-Gly-Ala-Gln-Arg-Lys-Thr (korrespondierend mit den Nukleotiden 2500-2544 bzw. Codons 834-848 der SEQ ID NO 1) nach dem Verfahren von Merrifield (J.M. Stewart, "Synthesis and use of neuropeptides", Neuroendocrine Peptide Methodology, ed. P.M. Conn, Academic Press, New York, S. 815-844 (1989)) chemisch synthetisiert, wobei ein natürliches Cystein N-terminal enthalten ist.

Die auf diese Weise hergestellten immunogenen Fragmente des erfindungsgemäßen Polypeptids wurden anschließend jeweils mit m-Maleimidobenzoesäure-N-hydroxysuccinamid-ester (M8759, Sigma) (Sambrook et al., "Molecular Cloning - A Laboratory Manual", 2. Auflage, Cold Spring Harbor Laboratory Press (1989)) an Trägersubstanzen (Keyhole-Limpet-Hämocyanin, KLH) gekoppelt und als Antigene für die Immunisierung von Kaninchen, Hühnern und Ratten zur Erzeugung von Antikörpern eingesetzt.

Die so erhaltenen polyklonalen Antikörper sind insbesondere für den qualitativen und quantitativen diagnostischen Nachweis des erfindungsgemäßen Rezeptorproteins in Gewebeschnitten von Infertilitätspatienten geeignet. Der Nachweis kann nach bekannten immunhistologischen Methoden beispielsweise durch Verwendung eines ggfs. nach üblichen Verfahren markierten, im Handel erhältlichen zweiten Antikörpers erfolgen, welcher den erstgenannten Antikörper in spezifischer Weise erkennt (Harlow und Lane, Antibodies - A Laboratory Manual, Cold Spring Harbour Laboratory Press, Cold Spring Harbour, New York (1988)).

Beispiel 10

In situ Transkript-Hybridisierung der erfindungsgemäße mRNA in Nebenhoden-Gewebeschnitten von Mensch und Ratte

Unter Verwendung des 743 Bp langen Fragments E - F1 (vgl. Bsp. 6) der erfindungsgemäßen DNA-Sequenz wurde in Gegenwart von [α^{35} S]CTP durch in-vitro Transkription eine spezifische Sonde hergestellt, die zur Bestimmung der Expression der erfindungsgemäßen Sequenz in Gefrierschnitten eingesetzt wurde.

Die Ergebnisse entsprechender in situ-Hybridisierungsexperimente sind in Figur 9 dargestellt. Die weißen Pünktchen des in Bild a unter Verwendung eines Dunkelfeld-Mikroskops dargestellten Gefrierschnitte humanen Ursprungs zeigen spezifische Signale aus der in situ-Hybridisierung in Gegenwart des obigen Fragments als "Antisense"-Sonde. Bild b repräsentiert das Ergebnis eines mit einem vergleichbaren Gewebeschnitt durchgeführten Kontrollversuchs, bei dem anstelle der zuvor verwendeten "Antisense"-Sonde der komplementäre Strang als "Sense"-Sonde verwendet wurde (Negativ-Kontrolle).

Das Bild a zeigt deutlich, daß die erfindungsgemäße DNA-Sequenz ausschließlich in der Epithelschicht des Nebenhodens, nicht jedoch in den Stroma- oder Muskelzellen des gleichen humanen Gewebes exprimiert wird.

Die Bilder c und d zeigen parallel durchgeführte Versuche unter Verwendung von Gewebeschnitten des Ratten-Nebenhodens. Bild c zeigt einen Schnitt der proximalen Region des Nebenhodens, während in Bild d die distale Region des gleichen Gewebes dargestellt ist. Bei vergleichender Betrachtung der Bilder c und d wird deutlich, daß die proximale Region stärkere Signale liefert, was vermutlich auf eine funktionelle Spezialisierung dieses Bereichs zurückzuführen ist.

Die Ergebnisse dieses Beispiels belegen die extrem hohe Zelltypspezifität des erfindungsgemäßen Rezeptorproteins und demgemäß die Eignung der erfindungsgemäß vorgeschlagenen Substanzen zur spezifischen und damit ausschließlichen positiven oder negativen Beeinflussung der Funktionen des Nebenhodens im Zusammenhang mit der Spermienreifung. Ferner veranschaulichen die Ergebnisse die erfindungsgemäß vorgeschlagene Verwendung der bereitgestellten Sequenzen einschließlich Fragmente derselben als spezifische Sonden für sowohl qualitative als auch quantitative diagnostische Untersuchungen von Biopsieproben. Überdies weist die überaus hohe Expressionsrate des erfindungsgemäßen Rezeptorproteins auf dessen Eignung als erfolgversprechender Mediator im Rahmen therapeutischer oder kontrazeptiver Anwendungsformen hin.

Beispiel 11

Verwendung des erfindungsgemäßen Rezeptorproteins bzw. der dafür kodierenden cDNA zur Isolierung spezifischer Liganden

Zur Gewinnung spezifischer Liganden für das erfindungsgemäße Rezeptorprotein wurde die N-terminale extrazelluläre Domäne (von Position 1 bis 620 der Aminosäuresequenz gemäß SEQ ID NO 2) des Rezeptorproteins in einem eukaryontischen Expressionssystem wie der Zelllinie COS-7 hergestellt. Zu diesem Zweck wurde der für diese Domäne kodierende Bereich der cDNA (entsprechend Position 1 bis 1860 der Nukleotidsequenz gemäß SEQ ID NO 1) am 3'-Ende mit einer Flag-Sequenz, d.h. einer Oligonukleotidsequenz versehen, die für ein bekanntes, hochspezifisches Peptid epitop kodiert, und in den Expressionsvektor pRc/CMV (Invitrogen, San Diego, Californien, USA) kloniert. Nach erfolgter Transfektion der Zelllinie COS-7 mit dem beschriebenen Expressionsvektor wurde das Fusionsprodukt nach bekannten Verfahren gewonnen und durch Affinitätschromatographie unter Verwendung immobilisierter, gegen das Flag-Epitop gerichteter Antikörper gereinigt.

Anschließend wurde das Fusionsprodukt als Sonde in einem konventionellen Protein-Screening-Verfahren (vgl. J. Sambrook, E.F. Fritsch, und T. Maniatis, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, N.Y., Kapitel 2 (1989)) unter Verwendung einer in Lambda-Bakteriophagen hergestellten cDNA-Expressionsbibliothek aus humanem Hoden eingesetzt. Hierzu wurden etwa 1 Million unabhängige cDNA-Bakterienklone, die durch IPTG-Induktion testikuläre Produkte und somit potentielle Liganden exprimieren, auf Nylonmembranfilter transferiert und unter geeigneten Bedingungen (s.o.) mit der rekombinanten Rezeptor-Bindungsdomäne inkubiert. Nachfolgend wurden die nicht spezifisch gebundenen Rezeptorfragmente unter stringenten Waschbedingungen entfernt, so daß sich auf den Filtern lediglich spezifische Bindungskomplexe befanden, die mit konventionellen Antikörper-Detektionssystemen (System unter Verwendung alkalischer Phosphatase, Sigma, Deisenhofen) über das Flag-Epitop sichtbar gemacht werden konnten. Die auf diese Weise identifizierten Phagenkolonien wurden isoliert und gereinigt sowie einer Sequenzbestimmung zugeführt.

Um zu ermitteln, ob die aufgefundenen Liganden eine Signaltransduktion durch den erfindungsgemäßen Rezeptor induzieren können und daher zur Stimulierung der Spermienreifung bei subfertilen Säugern geeignet sind, wurden Kulturen der mit dem gesamten cDNA-Konstrukt transfizierten COS-7-Zelllinie getrennt mit den positiven Liganden inkubiert und deren durch die spezifische Bindung verursachte Veränderung des intrazellulären cAMP-Spiegels und/oder des Ca^{2+} -Gehalts ermittelt. Positive Liganden, die nicht in der Lage waren, derartige Veränderungen hervorzurufen, sind beispielsweise als Antagonisten zur Inhibition der Spermienreifung geeignet und können zur Herstellung kontrazeptiver Mittel eingesetzt werden.

Die Verwendung derartiger Liganden für therapeutische Zwecke ist besonders vorteilhaft, da durch die gewebe-spezifische Expression des erfindungsgemäßen Rezeptorproteins dieser Gewebetyp selektiv beeinflußt wird und daher keine oder nur geringe Nebenwirkungen zu erwarten sind.

SEQUENZPROTOKOLL

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: Institut für Hormon- und
Fortpflanzungsforschung GmbH
(B) STRASSE: Grandweg 64
(C) ORT: Hamburg
(E) LAND: Deutschland
(F) POSTLEITZAHL: 22529

(ii) ANMELDETITEL: Nebenhoden-spezifisches Rezeptorprotein

(iii) ANZAHL DER SEQUENZEN: 2

(iv) COMPUTER-LESBARE FORM:

- (A) DATENTRÄGER: Floppy disk
(B) COMPUTER: IBM PC compatible
(C) BETRIEBSSYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPA)

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- (A) LÄNGE: 4665 Basenpaare
(B) ART: Nukleinsäure
(C) STRANGFORM: Einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: cDNS

(ix) MERKMALE:

- (A) NAME/SCHLÜSSEL: CDS
(B) LAGE: 1..3114

(ix) MERKMALE:

- (A) NAME/SCHLÜSSEL: 3'UTR
(B) LAGE: 3115..4665

(ix) MERKMALE:

- (A) NAME/SCHLÜSSEL: polyA-site
(B) LAGE: 4647..4652

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1:

AGC CAG CCC GAG GAC GCG AGC GGC AGG TGT GCA CAG AGG TTC TCC ACT
Ser Gln Pro Glu Asp Ala Ser Gly Arg Cys Ala Gln Arg Phe Ser Thr
1 5 10 15

48

	TTG	TTT	TCT	GAA	CTC	GCG	GTC	AGG	ATG	GTT	TTC	TCT	GTC	AGG	CAG	TGT	96
	Leu	Phe	Ser	Glu	Leu	Ala	Val	Arg	Met	Val	Phe	Ser	Val	Arg	Gln	Cys	
				20					25					30			
5	GGC	CAT	GTT	GGC	AGA	ACT	GAA	GAA	GTT	TTA	CTG	ACG	TTC	AAG	ATA	TTC	144
	Gly	His	Val	Gly	Arg	Thr	Glu	Glu	Val	Leu	Leu	Thr	Phe	Lys	Ile	Phe	
			35					40					45				
10	CTT	GTC	ATC	ATT	TGT	CTT	CAT	GTC	GTT	CTG	GTA	ACA	TCC	CTG	GAA	GAA	192
	Leu	Val	Ile	Ile	Cys	Leu	His	Val	Val	Leu	Val	Thr	Ser	Leu	Glu	Glu	
		50					55					60					
15	GAT	ACT	GAT	AAT	TCC	AGT	TTG	TCA	CCA	CCA	CCT	GCT	AAA	TTA	TCT	GTT	240
	Asp	Thr	Asp	Asn	Ser	Ser	Leu	Ser	Pro	Pro	Pro	Ala	Lys	Leu	Ser	Val	
	65				70						75					80	
20	GTC	AGT	TTT	GCC	CCC	TCC	TCC	AAT	GAG	GTT	GAA	ACA	ACA	AGC	CTC	AAT	288
	Val	Ser	Phe	Ala	Pro	Ser	Ser	Asn	Glu	Val	Glu	Thr	Thr	Ser	Leu	Asn	
				85					90						95		
25	GAT	GTT	ACT	TTA	AGC	TTA	CTC	CCT	TCA	AAC	GAA	ACA	GAA	AAA	ACT	AAA	336
	Asp	Val	Thr	Leu	Ser	Leu	Leu	Pro	Ser	Asn	Glu	Thr	Glu	Lys	Thr	Lys	
				100				105						110			
30	ATC	ACT	ATA	GTA	AAA	ACC	TTC	AAT	GCT	TCA	GGC	GTC	AAA	CCC	CAG	AGA	384
	Ile	Thr	Ile	Val	Lys	Thr	Phe	Asn	Ala	Ser	Gly	Val	Lys	Pro	Gln	Arg	
			115					120					125				
35	AAT	ATC	TGC	AAT	TTG	TCA	TCT	ATT	TGC	AAT	GAC	TCA	GCA	TTT	TTT	AGA	432
	Asn	Ile	Cys	Asn	Leu	Ser	Ser	Ile	Cys	Asn	Asp	Ser	Ala	Phe	Phe	Arg	
		130					135					140					
40	GGT	GAG	ATC	ATG	TTT	CAA	TAT	GAT	AAA	GAA	AGC	ACT	GTT	CCC	CAG	AAT	480
	Gly	Glu	Ile	Met	Phe	Gln	Tyr	Asp	Lys	Glu	Ser	Thr	Val	Pro	Gln	Asn	
	145					150					155					160	
45	CAA	CAT	ATA	ACG	AAT	GGC	ACC	TTA	ACT	GGA	GTC	CTG	TCT	CTA	AGT	GAA	528
	Gln	His	Ile	Thr	Asn	Gly	Thr	Leu	Thr	Gly	Val	Leu	Ser	Leu	Ser	Glu	
					165					170					175		
50	TTA	AAA	CGC	TCA	GAG	CTC	AAC	AAA	ACC	CTG	CAA	ACC	CTA	AGT	GAG	ACT	576
	Leu	Lys	Arg	Ser	Glu	Leu	Asn	Lys	Thr	Leu	Gln	Thr	Leu	Ser	Glu	Thr	
				180					185					190			
55	TAC	TTT	ATA	ATG	TGT	GCT	ACA	GCA	GAG	GCC	CAA	AGC	ACA	TTA	AAT	TGT	624
	Tyr	Phe	Ile	Met	Cys	Ala	Thr	Ala	Glu	Ala	Gln	Ser	Thr	Leu	Asn	Cys	
			195					200					205				
60	ACA	TTC	ACA	ATA	AAA	CTG	AAT	AAT	ACA	ATG	AAT	GCA	TGT	GCT	GCA	ATA	672
	Thr	Phe	Thr	Ile	Lys	Leu	Asn	Asn	Thr	Met	Asn	Ala	Cys	Ala	Ala	Ile	
		210					215					220					

5	GCC Ala 225	GCT Ala	TTG Leu	GAA Glu	AGA Arg	GTA Val 230	AAG Lys	ATT Ile	CGA Arg	CCA Pro	ATG Met 235	GAA Glu	CAC His	TGC Cys	TGC Cys	TGT Cys 240	720
	TCT Ser	GTC Val	AGG Arg	ATA Ile	CCC Pro 245	TGC Cys	CCT Pro	TCC Ser	TCC Ser	CCA Pro 250	GAA Glu	GAG Glu	TTG Leu	GGA Gly	AAG Lys 255	CTT Leu	768
10	CAG Gln	TGT Cys	GAC Asp	CTG Leu 260	CAG Gln	GAT Asp	CCC Pro	ATT Ile	GTC Val 265	TGT Cys	CTT Leu	GCT Ala	GAC Asp	CAT His 270	CCA Pro	CGT Arg	816
15	GGC Gly	CCA Pro 275	CCA Pro	TTT Phe	TCT Ser	TCC Ser	AGC Ser	CAA Gln 280	TCC Ser	ATC Ile	CCA Pro	GTG Val 285	GTG Val	CCT Pro	CGG Arg	GCC Ala	864
20	ACT Thr 290	GTG Val	CTT Leu	TCC Ser	CAG Gln	GTC Val	CCC Pro 295	AAA Lys	GCT Ala	ACC Thr	TCT Ser	TTT Phe 300	GCT Ala	GAG Glu	CCT Pro	CCA Pro	912
25	GAT Asp 305	TAT Tyr	TCA Ser	CCT Pro	GTG Val	ACC Thr 310	CAC His	AAT Asn	GTT Val	CCC Pro	TCT Ser 315	CCA Pro	ATA Ile	GGG Gly	GAG Glu	ATT Ile 320	960
30	CAA Gln	CCC Pro	CTT Leu	TCA Ser 325	CCC Pro	CAG Gln	CCT Pro	TCA Ser	GCT Ala 330	CCC Pro	ATA Ile	GCT Ala	TCC Ser	AGC Ser	CCT Pro 335	GCC Ala	1008
	ATT Ile	GAC Asp	ATG Met 340	CCC Pro	CCA Pro	CAG Gln	TCT Ser	GAA Glu 345	ACG Thr	ATC Ile	TCT Ser	TCC Ser	CCT Pro 350	ATG Met	CCC Pro	CAA Gln	1056
35	ACC Thr 355	CAT His	GTC Val	TCC Ser	GGC Gly	ACC Thr	CCA Pro 360	CCT Pro	CCT Pro	GTG Val	AAA Lys	GCC Ala 365	TCA Ser	TTT Phe	TCC Ser	TCT Ser	1104
40	CCC Pro 370	ACC Thr	GTG Val	TCT Ser	GCC Ala	CCT Pro	GCG Ala 375	AAT Asn	GTC Val	AAC Asn	ACT Thr	ACC Thr 380	AGC Ser	GCA Ala	CCT Pro	CCT Pro	1152
45	GTC Val 385	CAG Gln	ACA Thr	GAC Asp	ATC Ile	GTC Val 390	AAC Asn	ACC Thr	AGC Ser	AGT Ser	ATT Ile 395	TCT Ser	GAT Asp	CTT Leu	GAG Glu	AAC Asn 400	1200
50	CAA Gln	GTG Val	TTG Leu	CAG Gln 405	ATG Met	GAG Glu	AAG Lys	GCT Ala	CTG Leu 410	TCC Ser	TTG Leu	GGC Gly	AGC Ser	CTG Leu 415	GAG Glu	CCT Pro	1248
55	AAC Asn	CTC Leu	GCA Ala	GGA Gly 420	GAA Glu	ATG Met	ATC Ile	AAC Asn	CAA Gln 425	GTC Val	AGC Ser	AGA Arg	CTC Leu	CTT Leu 430	CAT His	TCC Ser	1296

5	CCG CCT GAC ATG CTG GCC CCT CTG GCT CAA AGA TTG CTG AAA GTA GTG Pro Pro Asp Met Leu Ala Pro Leu Ala Gln Arg Leu Leu Lys Val Val 435 440 445	1344
10	GAT GAC ATT GGC CTA CAG CTG AAC TTT TCA AAC ACG ACT ATA AGT CTA Asp Asp Ile Gly Leu Gln Leu Asn Phe Ser Asn Thr Thr Ile Ser Leu 450 455 460	1392
15	ACC TCC CCT TCT TTG GCT CTG GCT GTG ATC AGA GTG AAT GCC AGT AGT Thr Ser Pro Ser Leu Ala Leu Ala Val Ile Arg Val Asn Ala Ser Ser 465 470 475 480	1440
20	TTC AAC ACA ACT ACC TTT GTG GCC CAA GAC CCT GCA AAT CTT CAG GTT Phe Asn Thr Thr Thr Phe Val Ala Gln Asp Pro Ala Asn Leu Gln Val 485 490 495	1488
25	TCT CTG GAA ACC CAA GCT CCT GAG AAC AGT ATT GGC ACA ATT ACT CTT Ser Leu Glu Thr Gln Ala Pro Glu Asn Ser Ile Gly Thr Ile Thr Leu 500 505 510	1536
30	CCT TCA TCG CTG ATG AAT AAT TTA CCA GCT CAT GAC ATG GAG CTA GCT Pro Ser Ser Leu Met Asn Asn Leu Pro Ala His Asp Met Glu Leu Ala 515 520 525	1584
35	TCC AGG GTT CAG TTC AAT TTT TTT GAA ACA CCT GCT TTG TTT CAG GAT Ser Arg Val Gln Phe Asn Phe Phe Glu Thr Pro Ala Leu Phe Gln Asp 530 535 540	1632
40	CCT TCC CTG GAG AAC CTC TCT CTG ATC AGC TAC GTC ATA TCA TCG AGT Pro Ser Leu Glu Asn Leu Ser Leu Ile Ser Tyr Val Ile Ser Ser Ser 545 550 555 560	1680
45	GTT GCA AAC CTG ACC GTC AGG AAC TTG ACA AGA AAC GTG ACA GTC ACA Val Ala Asn Leu Thr Val Arg Asn Leu Thr Arg Asn Val Thr Val Thr 565 570 575	1728
50	TTA AAG CAC ATC AAC CCG AGC CAG GAT GAG TTA ACA GTG AGA TGT GTA Leu Lys His Ile Asn Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Val Arg Cys Val 580 585 590	1776
55	TTT TGG GAC TTG GGC AGA AAT GGT GGC AGA GGA GGC TGG TCA GAC AAT Phe Trp Asp Leu Gly Arg Asn Gly Gly Arg Gly Gly Trp Ser Asp Asn 595 600 605	1824
	GGC TGC TCT GTC AAA GAC AGG AGA TTG AAT GAA ACC ATC TGT ACC TGT Gly Cys Ser Val Lys Asp Arg Arg Leu Asn Glu Thr Ile Cys Thr Cys 610 615 620	1872
	AGC CAT CTA ACA AGC TTC GGC GTT CTG CTG GAC CTA TCT AGG ACA TCT Ser His Leu Thr Ser Phe Gly Val Leu Leu Asp Leu Ser Arg Thr Ser 625 630 635 640	1920

	GTG	CTG	CCT	GCT	CAA	ATG	ATG	GCT	CTG	ACG	TTC	ATT	ACA	TAT	ATT	GGT	1968
	Val	Leu	Pro	Ala	Gln	Met	Met	Ala	Leu	Thr	Phe	Ile	Thr	Tyr	Ile	Gly	
					645					650						655	
5	TGT	GGG	CTT	TCA	TCA	ATT	TTT	CTG	TCA	GTG	ACT	CTT	GTA	ACC	TAC	ATA	2016
	Cys	Gly	Leu	Ser	Ser	Ile	Phe	Leu	Ser	Val	Thr	Leu	Val	Thr	Tyr	Ile	
				660					665					670			
10	GCT	TTT	GAA	AAG	ATC	CGG	AGG	GAT	TAC	CCT	TCC	AAA	ATC	CTC	ATC	CAG	2064
	Ala	Phe	Glu	Lys	Ile	Arg	Arg	Asp	Tyr	Pro	Ser	Lys	Ile	Leu	Ile	Gln	
			675					680					685				
15	CTG	TGT	GCT	GCT	CTG	CTT	CTG	CTG	AAC	CTG	GTC	TTC	CTC	CTG	GAC	TCG	2112
	Leu	Cys	Ala	Ala	Leu	Leu	Leu	Leu	Asn	Leu	Val	Phe	Leu	Leu	Asp	Ser	
		690					695					700					
20	TGG	ATT	GCT	CTG	TAT	AAG	ATG	CAA	GGC	CTC	TGC	ATC	TCA	GTG	GCT	GTA	2160
	Trp	Ile	Ala	Leu	Tyr	Lys	Met	Gln	Gly	Leu	Cys	Ile	Ser	Val	Ala	Val	
	705					710					715					720	
25	TTT	CTT	CAT	TAT	TTT	CTC	TTG	GTC	TCA	TTC	ACA	TGG	ATG	GGC	CTA	GAA	2208
	Phe	Leu	His	Tyr	Phe	Leu	Leu	Val	Ser	Phe	Thr	Trp	Met	Gly	Leu	Glu	
					725					730					735		
30	GCA	TTC	CAT	ATG	TAC	CTG	GCC	CTT	GTC	AAA	GTA	TTT	AAT	ACT	TAC	ATC	2256
	Ala	Phe	His	Met	Tyr	Leu	Ala	Leu	Val	Lys	Val	Phe	Asn	Thr	Tyr	Ile	
				740					745					750			
35	CGA	AAA	TAC	ATC	CTT	AAA	TTC	TGC	ATT	GTC	GGT	TGG	GGG	GTA	CCA	GCT	2304
	Arg	Lys	Tyr	Ile	Leu	Lys	Phe	Cys	Ile	Val	Gly	Trp	Gly	Val	Pro	Ala	
			755					760					765				
40	GTG	GTT	GTG	ACC	ATC	ATC	CTG	ACT	ATA	TCC	CCA	GAT	AAC	TAT	GGG	CTT	2352
	Val	Val	Val	Thr	Ile	Ile	Leu	Thr	Ile	Ser	Pro	Asp	Asn	Tyr	Gly	Leu	
		770					775					780					
45	GGA	TCC	TAT	GGG	AAA	TTC	CCC	AAT	GGT	TCA	CCG	GAT	GAC	TTC	TGC	TGG	2400
	Gly	Ser	Tyr	Gly	Lys	Phe	Pro	Asn	Gly	Ser	Pro	Asp	Asp	Phe	Cys	Trp	
	785					790					795					800	
50	ATC	AAC	AAC	AAT	GCA	GTA	TTC	TAC	ATT	ACG	GTG	GTG	GGA	TAT	TTC	TGT	2448
	Ile	Asn	Asn	Asn	Ala	Val	Phe	Tyr	Ile	Thr	Val	Val	Gly	Tyr	Phe	Cys	
					805					810					815		
55	GTG	ATA	TTT	TTG	CTG	AAC	GTC	AGC	ATG	TTC	ATT	GTG	GTC	CTG	GTT	CAG	2496
	Val	Ile	Phe	Leu	Leu	Asn	Val	Ser	Met	Phe	Ile	Val	Val	Leu	Val	Gln	
				820					825					830			
60	CTC	TGT	CGA	ATT	AAA	AAG	AAG	AAG	CAA	CTG	GGA	GCC	CAG	CGA	AAA	ACC	2544
	Leu	Cys	Arg	Ile	Lys	Lys	Lys	Lys	Gln	Leu	Gly	Ala	Gln	Arg	Lys	Thr	
			835					840					845				

5	AGT ATT CAA GAC CTC AGG AGT ATC GCT GGC CTT ACA TTT TTA CTG GGA Ser Ile Gln Asp Leu Arg Ser Ile Ala Gly Leu Thr Phe Leu Leu Gly 850 855 860	2592
10	ATA ACT TGG GGC TTT GCC TTC TTT GCC TGG GGA CCA GTT AAC GTG ACC Ile Thr Trp Gly Phe Ala Phe Phe Ala Trp Gly Pro Val Asn Val Thr 865 870 875 880	2640
15	TTC ATG TAT CTG TTT GCC ATC TTT AAT ACC TTA CAA GGA TTT TTC ATA Phe Met Tyr Leu Phe Ala Ile Phe Asn Thr Leu Gln Gly Phe Phe Ile 885 890 895	2688
20	TTC ATC TTT TAC TGT GTG GCC AAA GAA AAT GTC AGG AAG CAA TGG AGG Phe Ile Phe Tyr Cys Val Ala Lys Glu Asn Val Arg Lys Gln Trp Arg 900 905 910	2736
25	CGG TAT CTT TGT TGT GGA AAG TTA CGG CTG GCT GAA AAT TCT GAC TGG Arg Tyr Leu Cys Cys Gly Lys Leu Arg Leu Ala Glu Asn Ser Asp Trp 915 920 925	2784
30	AGT AAA ACT GCT ACT AAT GGT TTA AAG AAG CAG ACT GTA AAC CAA GGA Ser Lys Thr Ala Thr Asn Gly Leu Lys Lys Gln Thr Val Asn Gln Gly 930 935 940	2832
35	GTG TCC AGC TCT TCA AAT TCC TTA CAG TCA AGC AGT AAC TCC ACT AAC Val Ser Ser Ser Ser Asn Ser Leu Gln Ser Ser Ser Asn Ser Thr Asn 945 950 955 960	2880
40	TCC ACC ACA CTG CTA GTG AAT AAT GAT TGC TCA GTA CAC GCA AGC GGG Ser Thr Thr Leu Leu Val Asn Asn Asp Cys Ser Val His Ala Ser Gly 965 970 975	2928
45	AAT GGA AAT GCT TCT ACA GAG AGG AAT GGG GTC TCT TTT AGT GTT CAG Asn Gly Asn Ala Ser Thr Glu Arg Asn Gly Val Ser Phe Ser Val Gln 980 985 990	2976
50	AAT GGA GAT GTG TGC CTT CAC GAT TTC ACT GGA AAA CAG CAC ATG TTT Asn Gly Asp Val Cys Leu His Asp Phe Thr Gly Lys Gln His Met Phe 995 1000 1005	3024
55	AAC GAG AAG GAA GAT TCC TGC AAT GGG AAA GGC CGT ATG GCT CTC AGA Asn Glu Lys Glu Asp Ser Cys Asn Gly Lys Gly Arg Met Ala Leu Arg 1010 1015 1020	3072
	AGG ACT TCA AAG CGG GGA AGC TTA CAC TTT ATT GAG CAA ATG Arg Thr Ser Lys Arg Gly Ser Leu His Phe Ile Glu Gln Met 1025 1030 1035	3114
	TGATTCCTTT CTTCTAAAAT CAAAGCATGA TGCTTGACAG TGTGAAATGT CCAATTTTAC	3174
	CTTTTACACA ATGTGAGATG TATGAAAATC AACTCATTTT ATTCTCGGCA ACATCTGGAG	3234
	AAGCATAAGC TAATTAAGGG CGATGATTAT TATTACAAGA AGAAACCAAG ACATTACACC	3294

ATGGTTTTTA GACATTTCTG ATTTGGTTTC TTATCTTCA TTTTATAAGA AGGTTGGTTT 3354
5 TAAACAATAC ACTAAGAATG ACTCCTATAA AGAAAACAAA AAAAGGTAGT GAACTTTCAG 3414
CTACCTTTTA AAGAGGCTAA GTTATCTTTG ATAACATCAT ATAAAGCAAC TGTGACTTC 3474
AGCCTGTTGG TGAGTTTAGT TGTGCATGCC TTTGTTGTAT ATAAGCTAAA TTCTAGTGAC 3534
10 CCATGTGTCA AAAATCTTAC TTCTACATTT TTTTGTATTT ATTTTCTACT GTGTAAATGT 3594
ATTCCTTTGT AGAATCATGG TTGTTTTGTC TCACGTGATA ATTCAGAAAA TCCTTGCTCG 3654
15 TTCCGCAAAT CCTAAAGCTC CTTTTGGAGA TGATATAGGA TGTGAAATAC AGAAACCTCA 3714
GTGAAATCAA GAAATAATGA TCCCAGCCAG ACTGAGAAAA TGTAAGCAGA CAGTGCCACA 3774
GTTAGCTCAT ACAGTGCCTT TGAGCAAGTT AGGAAAAGAT GCCCCCACTG GGCAGACACA 3834
20 GCCCTATGGG TCATGGTTTG ACAAACAGAG TGAGAGACCA TATTTTAGCC CCACTCACCC 3894
TCTTNGGTGC ACGACCTGTA CAGCCAAACA CAGCATCCAA TATGAATACC CATCCCCTGA 3954
25 CCGCATCCCC AGTAGTCAGA TTATAGAATC TGCACCAAGA TGTTTAGCTT TATACCTTGG 4014
CCACAGAGAG GGATGAACTG TCATCCAGAC CATGTGTCAG GAAAATTGTG AACGTAGATG 4074
AGGTACATAC ACTGCCGCTT CTCAAATCCC CAGAGCCTTT AGGAACAGGA GAGTAGACTA 4134
30 GGATTCCTTC TCTTAAAAAG GTACATATAT ATGGAAAAAA ATCATATTGC CGTTCTTTAA 4194
AAGGCAACTG CATGGTACAT TGTTGATTGT TATGACTGGT AACTCTGGC CCAGCCAGAG 4254
35 CTATAATTGT TTTTAAATG TGTCTGAAG AATGCACAGT GANAAGGGGA GTAGCTATTG 4314
GGAACAGGA ACTGTCCTAC ACTGCTATTG TTGCTACATG TATCGAGCCT TGATTGCTCC 4374
TAGTTATATA CAGGGTCTAT CTTGCTTCCT ACCTACATCT GCTTGAGCAG TGCCTCAAGT 4434
40 ACATCCTTAT TAGGAACATT TCAAACCCCT TTTAGTTAAG TCTTTCATA AGGTTCTCTT 4494
GCATATATTT CAAGTGAATG TTGGATCTCA GACTAACCAT AGTAATAATA CACATTTCTG 4554
45 TGAGTGCTGA CTTGTCTTTG CAATATTTCT TTTCTGATTT ATTTAATTTT CTTGTATTTA 4614
TATGTTAAAA TCAAAAATGT TAAAATCAAT GAAATAAATT TGCAGTTAAG A 4665

50

55

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

(A) LÄNGE: 1038 Aminosäuren

(B) ART: Aminosäure

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

Ser Gln Pro Glu Asp Ala Ser Gly Arg Cys Ala Gln Arg Phe Ser Thr
 1 5 10 15

Leu Phe Ser Glu Leu Ala Val Arg Met Val Phe Ser Val Arg Gln Cys
 20 25 30

Gly His Val Gly Arg Thr Glu Glu Val Leu Leu Thr Phe Lys Ile Phe
 35 40 45

Leu Val Ile Ile Cys Leu His Val Val Leu Val Thr Ser Leu Glu Glu
 50 55 60

Asp Thr Asp Asn Ser Ser Leu Ser Pro Pro Pro Ala Lys Leu Ser Val
 65 70 75 80

Val Ser Phe Ala Pro Ser Ser Asn Glu Val Glu Thr Thr Ser Leu Asn
 85 90 95

Asp Val Thr Leu Ser Leu Leu Pro Ser Asn Glu Thr Glu Lys Thr Lys
 100 105 110

Ile Thr Ile Val Lys Thr Phe Asn Ala Ser Gly Val Lys Pro Gln Arg
 115 120 125

Asn Ile Cys Asn Leu Ser Ser Ile Cys Asn Asp Ser Ala Phe Phe Arg
 130 135 140

Gly Glu Ile Met Phe Gln Tyr Asp Lys Glu Ser Thr Val Pro Gln Asn
 145 150 155 160

Gln His Ile Thr Asn Gly Thr Leu Thr Gly Val Leu Ser Leu Ser Glu
 165 170 175

Leu Lys Arg Ser Glu Leu Asn Lys Thr Leu Gln Thr Leu Ser Glu Thr
 180 185 190

Tyr Phe Ile Met Cys Ala Thr Ala Glu Ala Gln Ser Thr Leu Asn Cys
 195 200 205

Thr Phe Thr Ile Lys Leu Asn Asn Thr Met Asn Ala Cys Ala Ala Ile
 210 215 220

Ala Ala Leu Glu Arg Val Lys Ile Arg Pro Met Glu His Cys Cys Cys
 225 230 235 240
 5 Ser Val Arg Ile Pro Cys Pro Ser Ser Pro Glu Glu Leu Gly Lys Leu
 245 250 255
 Gln Cys Asp Leu Gln Asp Pro Ile Val Cys Leu Ala Asp His Pro Arg
 260 265 270
 10 Gly Pro Pro Phe Ser Ser Ser Gln Ser Ile Pro Val Val Pro Arg Ala
 275 280 285
 Thr Val Leu Ser Gln Val Pro Lys Ala Thr Ser Phe Ala Glu Pro Pro
 290 295 300
 15 Asp Tyr Ser Pro Val Thr His Asn Val Pro Ser Pro Ile Gly Glu Ile
 305 310 315 320
 20 Gln Pro Leu Ser Pro Gln Pro Ser Ala Pro Ile Ala Ser Ser Pro Ala
 325 330 335
 Ile Asp Met Pro Pro Gln Ser Glu Thr Ile Ser Ser Pro Met Pro Gln
 340 345 350
 25 Thr His Val Ser Gly Thr Pro Pro Pro Val Lys Ala Ser Phe Ser Ser
 355 360 365
 30 Pro Thr Val Ser Ala Pro Ala Asn Val Asn Thr Thr Ser Ala Pro Pro
 370 375 380
 Val Gln Thr Asp Ile Val Asn Thr Ser Ser Ile Ser Asp Leu Glu Asn
 385 390 395 400
 35 Gln Val Leu Gln Met Glu Lys Ala Leu Ser Leu Gly Ser Leu Glu Pro
 405 410 415
 Asn Leu Ala Gly Glu Met Ile Asn Gln Val Ser Arg Leu Leu His Ser
 420 425 430
 40 Pro Pro Asp Met Leu Ala Pro Leu Ala Gln Arg Leu Leu Lys Val Val
 435 440 445
 45 Asp Asp Ile Gly Leu Gln Leu Asn Phe Ser Asn Thr Thr Ile Ser Leu
 450 455 460
 Thr Ser Pro Ser Leu Ala Leu Ala Val Ile Arg Val Asn Ala Ser Ser
 465 470 475 480
 50 Phe Asn Thr Thr Thr Phe Val Ala Gln Asp Pro Ala Asn Leu Gln Val
 485 490 495
 55 Ser Leu Glu Thr Gln Ala Pro Glu Asn Ser Ile Gly Thr Ile Thr Leu
 500 505 510

Pro Ser Ser Leu Met Asn Asn Leu Pro Ala His Asp Met Glu Leu Ala
 515 520 525
 5 Ser Arg Val Gln Phe Asn Phe Phe Glu Thr Pro Ala Leu Phe Gln Asp
 530 535 540
 Pro Ser Leu Glu Asn Leu Ser Leu Ile Ser Tyr Val Ile Ser Ser Ser
 545 550 555 560
 10 Val Ala Asn Leu Thr Val Arg Asn Leu Thr Arg Asn Val Thr Val Thr
 565 570 575
 15 Leu Lys His Ile Asn Pro Ser Gln Asp Glu Leu Thr Val Arg Cys Val
 580 585 590
 Phe Trp Asp Leu Gly Arg Asn Gly Gly Arg Gly Gly Trp Ser Asp Asn
 595 600 605
 20 Gly Cys Ser Val Lys Asp Arg Arg Leu Asn Glu Thr Ile Cys Thr Cys
 610 615 620
 Ser His Leu Thr Ser Phe Gly Val Leu Leu Asp Leu Ser Arg Thr Ser
 25 625 630 635 640
 Val Leu Pro Ala Gln Met Met Ala Leu Thr Phe Ile Thr Tyr Ile Gly
 645 650 655
 30 Cys Gly Leu Ser Ser Ile Phe Leu Ser Val Thr Leu Val Thr Tyr Ile
 660 665 670
 Ala Phe Glu Lys Ile Arg Arg Asp Tyr Pro Ser Lys Ile Leu Ile Gln
 675 680 685
 35 Leu Cys Ala Ala Leu Leu Leu Leu Asn Leu Val Phe Leu Leu Asp Ser
 690 695 700
 Trp Ile Ala Leu Tyr Lys Met Gln Gly Leu Cys Ile Ser Val Ala Val
 40 705 710 715 720
 Phe Leu His Tyr Phe Leu Leu Val Ser Phe Thr Trp Met Gly Leu Glu
 725 730 735
 45 Ala Phe His Met Tyr Leu Ala Leu Val Lys Val Phe Asn Thr Tyr Ile
 740 745 750
 Arg Lys Tyr Ile Leu Lys Phe Cys Ile Val Gly Trp Gly Val Pro Ala
 755 760 765
 50 Val Val Val Thr Ile Ile Leu Thr Ile Ser Pro Asp Asn Tyr Gly Leu
 770 775 780
 Gly Ser Tyr Gly Lys Phe Pro Asn Gly Ser Pro Asp Asp Phe Cys Trp
 55 785 790 795 800

Ile Asn Asn Asn Ala Val Phe Tyr Ile Thr Val Val Gly Tyr Phe Cys
 805 810 815
 5 Val Ile Phe Leu Leu Asn Val Ser Met Phe Ile Val Val Leu Val Gln
 820 825 830
 Leu Cys Arg Ile Lys Lys Lys Lys Gln Leu Gly Ala Gln Arg Lys Thr
 835 840 845
 10 Ser Ile Gln Asp Leu Arg Ser Ile Ala Gly Leu Thr Phe Leu Leu Gly
 850 855 860
 15 Ile Thr Trp Gly Phe Ala Phe Phe Ala Trp Gly Pro Val Asn Val Thr
 865 870 875 880
 Phe Met Tyr Leu Phe Ala Ile Phe Asn Thr Leu Gln Gly Phe Phe Ile
 885 890 895
 20 Phe Ile Phe Tyr Cys Val Ala Lys Glu Asn Val Arg Lys Gln Trp Arg
 900 905 910
 25 Arg Tyr Leu Cys Cys Gly Lys Leu Arg Leu Ala Glu Asn Ser Asp Trp
 915 920 925
 Ser Lys Thr Ala Thr Asn Gly Leu Lys Lys Gln Thr Val Asn Gln Gly
 930 935 940
 30 Val Ser Ser Ser Ser Asn Ser Leu Gln Ser Ser Ser Asn Ser Thr Asn
 945 950 955 960
 Ser Thr Thr Leu Leu Val Asn Asn Asp Cys Ser Val His Ala Ser Gly
 965 970 975
 35 Asn Gly Asn Ala Ser Thr Glu Arg Asn Gly Val Ser Phe Ser Val Gln
 980 985 990
 40 Asn Gly Asp Val Cys Leu His Asp Phe Thr Gly Lys Gln His Met Phe
 995 1000 1005
 Asn Glu Lys Glu Asp Ser Cys Asn Gly Lys Gly Arg Met Ala Leu Arg
 1010 1015 1020
 45 Arg Thr Ser Lys Arg Gly Ser Leu His Phe Ile Glu Gln Met
 1025 1030 1035
 50
 55

Patentansprüche

1. Nebenhoden-spezifisches Rezeptorprotein von Säugern, welches die im Sequenzprotokoll unter SEQ ID NO 2 angegebene Aminosäuresequenz aufweist, sowie Derivate oder Fragmente desselben mit gleicher biologischer Wirksamkeit und/oder Immunogenität.
2. DNA-Sequenzen, die für das Rezeptorprotein oder dessen aktive Derivate oder Fragmente mit gleicher biologischer Wirksamkeit und/oder Immunogenität gemäß Anspruch 1 kodieren.
3. DNA-Sequenzen nach Anspruch 2 ausgewählt aus
 - a) der in SEQ ID NO 1 angegebenen Nukleotidsequenz,
 - b) der dort angegebenen Sequenz von den Nukleotiden 1 bis 3114,
 - c) zu den vorgenannten Sequenzen homologen Sequenzen mit einem Homologiegrad von mindestens 70%, und
 - d) syngen oder komplementären Sequenzen der Sequenzen gemäß a), b) oder c), oder Fragmenten derselben, soweit sie für Proteine oder Polypeptide mit gleicher biologischer Wirksamkeit und/oder Immunogenität kodieren.
4. Vektor-Moleküle, **dadurch gekennzeichnet**, daß sie eine oder mehrere der DNA-Sequenzen nach Anspruch 2 oder 3 unter Aufrechterhaltung der Fähigkeit zur Replikation in geeigneten Wirtszellen insertiert enthalten.
5. Vektor-Moleküle nach Anspruch 4, **dadurch gekennzeichnet**, daß sie die Sequenzen in solcher Weise insertiert enthalten, daß deren Expression in geeigneten Wirtsorganismen erfolgen kann.
6. Prokaryontische oder eukaryontische Wirtszellen, **dadurch gekennzeichnet**, daß sie mit Vektor-Molekülen nach Anspruch 4 oder 5 transformiert sind.
7. Verfahren zur Herstellung der Proteine oder Polypeptide nach Anspruch 1, **dadurch gekennzeichnet**, daß man Wirtszellen nach Anspruch 6 unter Bedingungen kultiviert, welche die Expression der DNA-Sequenz erlauben, und man das Expressionsprodukt aus dem Kulturansatz gewinnt.
8. Antikörper, **dadurch gekennzeichnet**, daß sie mit Epitopen reagieren, welche von einem der Proteine oder Polypeptide gemäß Anspruch 1 umfaßt und für dieses spezifisch sind.
9. Monoklonale Antikörper nach Anspruch 8.
10. Pharmazeutische Zusammensetzung, welche eines oder mehrere der Proteine oder Polypeptide gemäß Anspruch 1 oder hergestellt nach Anspruch 7 als aktiven Wirkstoff enthält.
11. Pharmazeutische Zusammensetzung, welche Antikörper nach den Ansprüchen 8 oder 9 als aktiven Wirkstoff enthält.
12. Pharmazeutische Zusammensetzung, welche Nukleotidsequenzen als aktiven Wirkstoff enthält, die mit den Nukleotidsequenzen nach den Ansprüchen 2 oder 3 hybridisieren.
13. Pharmazeutische Zusammensetzung nach Anspruch 12, **dadurch gekennzeichnet**, daß die Nukleotidsequenzen mit einem nachweisbaren Marker versehen sind.
14. Pharmazeutische Zusammensetzung nach den Ansprüchen 10 bis 13 zur Diagnose männlicher Fortpflanzungsstörungen.
15. Pharmazeutische Zusammensetzung nach den Ansprüchen 10 bis 13 zur Therapie männlicher Fortpflanzungsstörungen oder zur Kontrazeption.

16. Verwendung der Proteine oder Polypeptide nach Anspruch 1 zur Isolierung oder Herstellung von spezifischen Liganden.

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

THIS PAGE BLANK (USPTO)